

83/00064
02/1003

(12) NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT) VERÖFFENTLICHTE INTERNATIONALE ANMELDUNG

(19) Weltorganisation für geistiges Eigentum
Internationales Büro



(43) Internationales Veröffentlichungsdatum
13. November 2003 (13.11.2003)

PCT

(10) Internationale Veröffentlichungsnummer
WO 03/093482 A2

(51) Internationale Patentklassifikation⁷: C12N 15/82,
C12P 7/64

[DE/DE]; Landteilstr.12, 68163 Mannheim (DE). RENZ,
Andreas [DE/DE]; Heinrich-von-Kleist-Str.6, 67117 Lim-
burgerhof (DE). LERCHL, Jens [DE/SE]; Onsjövägen
17, S-26831 Svalöv (SE). KUIJPERS, Anne-Marie
[NL/DE]; Pappelstr. 31, 67166 Otterstadt (DE).

(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP03/04297

(74) Anwalt: PRESSLER, Uwe; c/o BASF Aktienge-
sellschaft, 67056 Ludwigshafen (DE).

(22) Internationales Anmeldedatum:
25. April 2003 (25.04.2003)

(81) Bestimmungsstaaten (national): AE, AG, AL, AM, AT,
AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR,
CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EE, ES, FI, GB, GD, GE,
GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR,
KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK,
MN, MW, MX, MZ, NI, NO, NZ, OM, PH, PL, PT, RO,
RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ,
UA, UG, US, UZ, VC, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(25) Einreichungssprache: Deutsch

(82) Bestimmungsstaaten (regional): ARIPO-Patent (GH,
GM, KE, LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW),
eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ,
TM), europäisches Patent (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE,

(26) Veröffentlichungssprache: Deutsch

(83) Fortsetzung auf der nächsten Seite]

(30) Angaben zur Priorität:
102 19 203.0 29. April 2002 (29.04.2002) DE

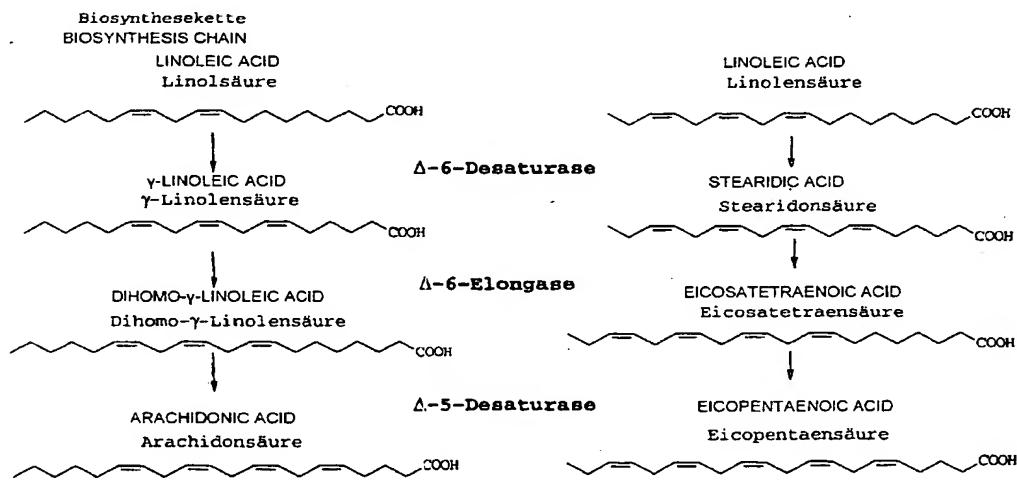
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten mit Ausnahme von
US): BASF PLANT SCIENCE GMBH [DE/DE]; Carl-
Bosch-Str. 38, 67056 Ludwigshafen (DE).

(72) Erfinder; und

(75) Erfinder/Anmelder (nur für US): CIRPUS, Petra

(54) Title: METHOD FOR PRODUCING MULTIPLE UNSATURATED FATTY ACIDS IN PLANTS

(54) Bezeichnung: VERFAHREN ZUR HERSTELLUNG MEHRFACH UNGESÄTTIGTER FETTSÄUREN IN PFLANZEN



WO 03/093482 A2

(57) Abstract: The invention relates to a method for producing fatty acid esters which contain unsaturated fatty acids with at least three double-bonds, and free unsaturated fatty acids having a content of at least 1 wt.-%, in relation to the total amount of fatty acids contained in plants, by expression of at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-desaturase activity, and at least one nucleic acid sequence which codes for a polypeptide having D-6-elongase activity. Advantageously, said nucleic acid sequences can be expressed, optionally, together with a third nucleic acid sequence in the transgenic plant, which codes for a polypeptide having D-5-desaturase activity. The invention also relates to the use of defined nucleic acid sequences which code for polypeptides having a D-6-desaturase activity, D-6-elongase activity or D-5-desaturase activity, selected from a group of nucleic acid sequences, or to the use of nucleic acid structures containing the above-mentioned nucleic acid sequences.

[Fortsetzung auf der nächsten Seite]

UP



DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL,
PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI-Patent (BF, BJ, CF, CG,
CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Zur Erklärung der Zweibuchstaben-Codes und der anderen Abkürzungen wird auf die Erklärungen ("Guidance Notes on Codes and Abbreviations") am Anfang jeder regulären Ausgabe der PCT-Gazette verwiesen.

Veröffentlicht:

— ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts

(57) Zusammenfassung: Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureestern, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fettsäuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-6-Elongaseaktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit D-5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden. Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer D-6-Desaturaseaktivität, D-6-Elongaseaktivität oder D-5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäurekonstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen

5 Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von Fettsäureester, die ungesättigte Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen enthalten, sowie freien ungesättigten Fett-
10 säuren mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten in der Pflanzen enthaltenden Fettsäuren durch Expression mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ-6-Desaturaseaktivität codiert, und mindestens einer Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ-6-Elongase-
15 aktivität codiert. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit Δ-5-Desaturaseaktivität codiert, in der transgenen Pflanze exprimiert werden.

20 Die Erfindung betrifft weiterhin die Verwendung definierter Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität, Δ-6-Elongaseaktivität oder Δ-5-Desaturaseaktivität codieren ausgewählt aus einer Gruppe von Nukleinsäuresequenzen bzw. die Verwendung von Nukleinsäure-
25 konstrukten enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen.

Bestimmte Produkte und Nebenprodukte natürlich vorkommender Stoffwechselprozesse in mikrobiellen Zellen oder in den Zellen von Tieren und vorteilhaft Pflanzen sind für ein breites Spektrum
30 an Industrien, einschließlich der Futtermittel-, Nahrungsmittel-, Kosmetik- und pharmazeutischen Industrie, nützlich. Zu diesen gemeinsam als "Feinchemikalien" bezeichneten Molekülen gehören auch Lipide und Fettsäuren, unter denen eine beispielhafte Klasse die mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind. Mehrfach ungesättigte
35 Fettsäuren (*polyunsaturated fatty acids*, PUFAs) werden beispielsweise Nahrungsmittel für Kinder zugegeben, um einen höheren Nährwert dieser Nahrungsmittel zu erzeugen. PUFAs haben zum Beispiel einen positiven Einfluss auf den Cholesterinspiegel im Blut von Menschen und eignen sich daher zum Schutz gegen Herzkrank-
40 heiten. Feinchemikalien wie mehrfach ungesättigte Fettsäuren (*polyunsaturated fatty acids*, PUFAs) lassen sich aus tierischen Quellen, wie beispielsweise Fisch, isolieren oder mit Mikroorganismen durch Züchtung von Mikroorganismen, die so entwickelt worden sind, dass sie große Mengen eines oder mehrerer
45 gewünschter Moleküle produzieren und akkumulieren oder sezernieren, im großen Maßstab herstellen.

Fettsäuren und Triglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich. Je nachdem ob es sich um freie gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren oder um Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach ungesättigte Ω -3-Fettsäuren und Ω -6-Fettsäuren stellen dabei einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar. Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (=DHA, C₂₂:6^{Δ4,7,10,13,16,19}) oder Eicosapentaensäure (= EPA, C₂₀:5^{Δ5,8,11,14,17}) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung des Gehirns zugeschrieben.

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder aus Ölproduzierenden Pflanzen wie Soja, Raps, Sonnenblume, Algen wie Cryptocodium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Höhere mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C₂₀:4^{Δ5,8,11,14}), Dihomo- γ -linolensäure (C₂₀:3^{Δ8,11,14}) oder Docosapentaensäure (DPA, C₂₂:5^{Δ7,10,13,16,19}) lassen sich nicht aus Ölfruchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färberdistel oder anderen isolieren. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

Je nach Anwendungszweck sind Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt, so sind z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fettsäuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten Ω -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser Ω -3-Fettsäuren zu Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider Arthritis lassen sich durch Ω -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung.

Ω-6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

5 Ω-3- und Ω-6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo-γ-linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG₂-Serie), die aus Ω-6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG₃-Serie) aus Ω-3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.

15 Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in

20 WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ-9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine Δ-15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ-12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200-203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649-659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr

30 schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141-12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf Enzymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird.

35 Δ-6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO98/46763 WO98/46764, WO9846765. Dabei wird auch die

40 Expression verschiedener Desaturasen wie in WO99/64616 oder WO98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen

45 Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe Gehalte an Δ-6-ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B. gamma-Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel

ein Gemisch aus ω 3 und ω 6 Fettsäuren erhalten, da alle bisher beschriebenen Δ -6-Desaturasen zum Beispiel Linolsäure (ω -6-Fettsäure) als auch α -Linolensäure (ω -3-Fettsäure) umsetzten.

5 Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Thraustochytrien oder Schizochytrien-Stämme, Algen wie Phaeodactylum tricornutum oder Cryptothecodium-Arten, Ciliaten, wie Stylonychia oder Colpidium, Pilze, wie Mortierella, Entomophthora oder Mucor. Durch Stammselektion 10 ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist 15 jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wenn immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei 20 diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und DHA anfallen.

Alternativ kann die Produktion von Feinchemikalien geeigneterweise über die Produktion in Pflanzen, die so entwickelt sind, 25 dass sie die vorstehend genannten PUFAs herstellen, im großen Maßstab durchgeführt werden. Besonders gut für diesen Zweck geeignete Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten wie Raps, Canola, Lein, Soja, Sonnenblumen, Borretsch und Nachtkerze. Aber auch andere Nutzpflanzen, 30 die Öle oder Lipide und Fettsäuren enthalten, sind gut geeignet, wie in der eingehenden Beschreibung dieser Erfindung erwähnt. Mittels herkömmlicher Züchtung ist eine Reihe von Mutantenpflanzen entwickelt worden, die ein Spektrum an wünschenswerten Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen produzieren. 35 Die Selektion neuer Pflanzensorten mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls ist jedoch ein zeitaufwändiges und schwieriges Verfahren oder sogar unmöglich, wenn die Verbindung in der entsprechenden Pflanze nicht natürlich vorkommt, wie im Fall von mehrfach ungesättigten C_{18} -, C_{20} -Fettsäuren und C_{22} -Fett- 40 säuren und solchen mit längeren Kohlenstoffketten.

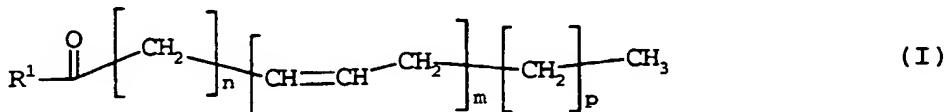
Aufgrund der positiven Eigenschaften ungesättigter Fettsäuren hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, diese Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden 45 beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Pflanzen mit einem geänderten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. Bisher konnten jedoch länger-

5

kettige mehrfach ungesättigte C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren wie EPA oder ARA nicht in Pflanzen hergestellt werden.

Es bestand daher die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von
 5 mehrfach ungesättigten Fettsäureestern und/oder freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens drei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I:

10



15

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

20

- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- 25 b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Elongaseaktivität codiert; und
- c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz,
 30 die für ein Polypeptid mit einer Δ-5-Desaturaseaktivität codiert;
- d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

35 wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

R¹ = -OH, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II

45

5



10

$\text{R}^2 = \text{H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid-, Glycosphingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-,}$

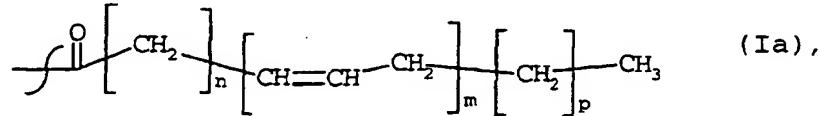
15

$\text{R}^3 = \text{H, gesättigtes oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-, oder}$

20

$\text{R}^2 \text{ und R}^3 \text{ unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia}$

25



25

$n = 3, 4 \text{ oder } 6, m = 3, 4 \text{ oder } 5 \text{ und } p = 0 \text{ oder } 3, \text{ bevorzugt bedeutet } n = 3, m = 4 \text{ oder } 5 \text{ und } p = 0 \text{ oder } 3.$

30

$\text{R}^1 \text{ bezeichnet in den Verbindungen der Formel I -OH (Hydroxyl-, AcetylCoenzym A-, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II}$

35



40

$\text{Die vorgenannten Reste für R}^1 \text{ sind jeweils als Ester bzw. Thioester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.}$

45

$\text{R}^2 \text{ bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycosphingolipid- oder gesättigtes oder ungesättigtes C}_2\text{-C}_{24}\text{-Alkylcarbonyl-.}$

Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

R³ bezeichnet in den Verbindungen der Formel II Wasserstoff, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl.

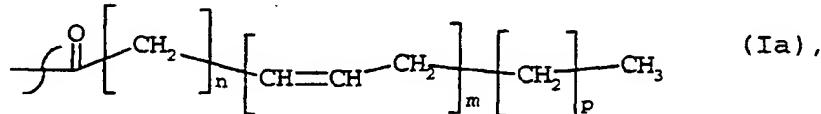
Als ungesättigtes oder gesättigtes C₂-C₂₂-Alkylcarbonyl- seien Reste wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten können. Bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-,

n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-, C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl-, C₂₂-Alkylcarbonyl- oder C₂₄-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonyl-Reste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Bevorzugt enthalten die genannten Reste zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Besonders bevorzugt enthalten die Reste drei, vier oder fünf Doppelbindungen. Ganz besonders bevorzugt sind C₁₈-Alkylcarbonylreste, die eine, zwei, drei oder vier Doppelbindungen enthalten, und C₂₀-Alkylcarbonylreste, die drei, vier oder fünf Doppelbindungen enthalten. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

20

R² und R³ bezeichnen weiterhin in den Verbindungen der Formel II unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia

25



30 wobei n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3 bedeutet, bevorzugt bedeutet n = 3, m = 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

Die vorgenannten Reste R¹, R² und R³ können auch Substituenten wie Hydroxyl- oder Epoxigruppen tragen oder auch Dreifachbindungen 35 enthalten.

Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongase-40 Aktivität codieren.

Die im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I enthalten vorteilhaft eine Mischung aus unterschiedlichen Resten R¹, R² oder R³, die sich von unterschiedlichen Glyceriden ableiten 45 lassen. Weiterhin lassen sich die vorgenannten Reste von verschiedenen Fettsäuren wie kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder

langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren.

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester
5 (= Verbindungen der Formel I) mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt. Bevorzugt enthalten diese Fettsäuremoleküle drei, vier oder fünf Doppelbindungen und führen vorteilhaft zur Synthese von γ -Linolensäure (= GLA,
10 C₁₈:3^{Δ6,9,12}), Stearidonsäure (= SDA, C₁₈:4^{Δ6,9,12,15}), Dihomo- γ -Linolensäure (= DGLA, 20:3^{Δ8,11,14}), Eicosatetraensäure (= ETA, C₂₀:4^{Δ5,8,11,14}), Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA) oder deren Mischungen, bevorzugt EPA und/oder ARA.

15 Die Fettsäureester mit mehrfach ungestättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycoshingolipid, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren
20 mit mindestens zwei bevorzugt drei Doppelbindungen enthalten, isoliert werden. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäure-
25 ester und frei Fettsäuren) in der Pflanze in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.
30

35 Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die Verbindungen der allgemeinen Formel I mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 2 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 3 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 5 Gew.-%, ganz
40 besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in der transgenen Pflanze hergestellt. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolsäure (C₁₈:2) bzw. Linolensäure (C₁₈:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie
45 beispielsweise Arachidonsäure (ARA) oder Eicosapentaensäure (EPA) nicht als Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in der Ausgangspflanze

10

sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA und EPA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht als 10 Gew.-%,

5 ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweilige Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA oder nur EPA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren (siehe Verbindungen der allgemeinen Formel I) hergestellt. Werden beide

10 Verbindungen (ARA + EPA) gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:2 (EPA:ARA), vorteilhaft von mindestens 1:3, bevorzugt von 1:4, besonders bevorzugt von 1:5 hergestellt.

15 Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Pflanzen wie Moose, Algen, zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen in Frage. Vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für

20 die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Algen wie Cryptocodium, Phaeodactylum oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel), Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Sesam,

25 Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes,

30 Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Safflor (Färberdistel),

35 Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf,

40 Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedliche Verbindungen der Formel I hergestellt werden.

11

Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Pflanze lassen sich Mischungen der verschiedenen Verbindungen der allgemeinen Formel I oder einzelne Verbindungen wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nach 5 dem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Verbindungen der allgemeinen Formel I, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA enthaltende Verbindungen der Formel I oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder 10 EPA enthaltende Verbindungen der Formel I. Liegt in der für das Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2^{49,12}) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren 15 verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α-Linolensäure (= ALA, C18:3^{49,12,15}) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA und EPA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität der an der Synthese 20 beteiligten Enzyme (Δ-5-, Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) bzw. durch Einbringen nur der ersten beiden Gene (Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase) der Synthesekette lassen sich gezielt in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellten (siehe Figur I). Durch die Aktivität der Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase 25 entstehen GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Wird die Δ-5-Desaturase zusätzlich in Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA oder EPA. Vorteilhaft werden nur ARA oder EPA oder deren Mischungen 30 synthetisiert, abhängig von der in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Pflanzen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt 35 enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA oder deren Mischungen.

40 Im erfindungsgemäßen Verfahren werden sind unter transgenen Pflanzen auch Pflanzenzellen, -gewebe, -organe oder ganze Pflanzen zu verstehen, die zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I angezüchtet werden. Unter Anzucht ist 45 beispielsweise die Kultivierung der transgenen Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze

12

auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

Im erfindungsgemäßen Verfahren können prinzipiell alle

5 Nukleinsäuren verwendet werden, die für Polypeptide mit Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Nukleinsäuren aus Pflanzen wie Algen wie Isochrysis oder Cryptecodinium, Diatomeen wie Phaeodactylum, Moose wie Physcomitrella, Ceratodon oder höheren Pflanzen

10 wie den Primulaceae wie Aleuritia, Calendula stellata, Osteospermum spinescens oder Osteospermum hyoseroides, Mikroorganismen wie Pilzen wie Aspergillus, Thraustochytrium, Phytophtora, Entomophthora, Mucor oder Mortierella, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie Caenorhabditis, Insekten oder dem Mensch. Vorteilhaft

15 stammen die Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongasegene aus Pilzen oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus Pflanzen.

Vorteilhaft wird im erfindungsgemäßen Verfahren eine Nuklein-

20 säuresequenz ausgewählt aus der Gruppe den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination in Expressionskonstrukte cloniert, diese

25 Expressionskonstrukte sind in den Sequenzen SEQ ID NO: 33-37 wiedergegeben. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen eine optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten Verbindungen der allgemeinen Formel I.

30 Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle, die die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ-5- oder Δ-6-Desaturase und eine Δ-6-Elongase codieren, enthält, wobei eine Zelle mit den Nukleinsäuresequenz, einem Genkonstrukt oder

35 einem Vektor, welche die Expression der Δ-5-, Δ-6-Desaturase- oder Δ-6-Elongasenukleinsäure allein oder in Kombination herbeiführen, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Feinchemikalie aus der Kultur. Die so hergestellte

40 Zelle ist vorteilhaft eine Zelle einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

Unter transger Pflanze im Sinne der Erfindung ist zu verstehen,

45 daß die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden.

13

Tansgen bedeutet aber auch, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder das die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Pflanzen sind die Ölfruchtpflanzen.

10

Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten Verbindungen der Formel I enthalten, können direkt vermarktet werden ohne die synthetisierten Verbindungen zu isolieren. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane wie Blatt, Stiel, Wurzel, Knollen oder Samen oder die gesamte Pflanze zu verstehen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte Verbindungen der Formel I lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst die Pflanzenschleime und Trübstoffe. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss

wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs

- 5 C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, bei Kombination mit einer weiteren Elongasen und einer Δ-4 Desaturase fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids
- 10 oder einer freien Fettsäure isolieren. Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

Eine erfindungsgemäße Ausführungsform sind Öle, Lipide oder Fett-
15 säuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

- 20 Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.

Unter dem Begriff "Öl" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch
25 verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl oder Fett einen hohen Anteil an ungesättigter, unkonjugierter veresterter Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure, γ-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure, Arachidonsäure, α-Linolensäure, Stearidonsäure, Eicos-
30 tetraensäure oder Eicosapentaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung der Fettsäuren in
35 die Methylestern durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangspflanze der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl
40 oder Fett schwanken.

Bei den im Verfahren hergestellten Verbindungen der Formel I, die mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen der allgemeinen Formel I lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkalibehandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure 5 Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z.B. H₂SO₄. Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung 10 erfolgen.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in eine Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so 20 dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multi- 25 expressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen spezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie 30 Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäure- 35 moleküle, die aus solchen Stämmen isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraktion akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfruchtpflanzen, beispielsweise 40 Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

Die Herstellung einer Triensäure mit C₁₈-Kohlenstoffkette mit Hilfe von Desaturasen konnte bisher gezeigt werden. In diesen 45 literaturbekannten Verfahren wurde die Herstellung von γ-Linolensäure beansprucht. Bisher konnte jedoch niemand die Herstellung sehr langkettiger mehrfach ungesättigter Fettsäuren (mit C₂₀- und

längerer Kohlenstoffkette sowie von Triensäuren und höher ungesättigten Typen) allein durch modifizierte Pflanzen zeigen.

Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettiger PUFAs müssen 5 die mehrfach ungesättigten C₁₈-Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C₂₀-Fettsäuren, und nach zwei oder drei 10 Elongationsrunden zu C₂₂- oder C₂₄-Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C₁₈- und/oder C₂₀-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungsschritte wie z.B. eine solche in Δ-5-Position erfolgen. 15 20 Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Arachidonsäure und Eicosapentaensäure. Die C₁₈-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, 25 Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

Unter der Verwendung von Klonierungsvektoren in Pflanzen und bei der Pflanzentransformation, wie denjenigen, die veröffentlicht 30 sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; 35 B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)), lassen sich die Nukleinsäuren zur gentechnologischen Veränderung eines breiten Spektrums an Pflanzen verwenden, so dass diese ein besserer oder effizienterer Produzent eines oder mehrerer von Lipiden hergeleiteter Produkte, wie PUFAs, wird. Diese verbesserte Produktion oder Effizienz der Produktion eines von Lipiden hergeleiteten Produktes, wie PUFAs, kann durch direkte 40 45 Wirkung der Manipulation oder eine indirekte Wirkung dieser Manipulation hervorgerufen werden.

Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die die Veränderung eines erfindungsgemäßen Desaturase-Proteins die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer Feinchemikalie aus einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund eines veränderten Proteins direkt beeinflussen kann. Die Anzahl oder Aktivität des Desaturase-Proteins oder -Gens sowie von Genkombinationen von Desaturasen und Elongasen kann erhöht sein, so dass größere Mengen dieser Verbindungen de novo hergestellt werden, weil den Organismen diese Aktivität und Fähigkeit zur Biosynthese vor dem Einbringen des entsprechenden Gens fehlte. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.

Durch das Einbringen eines Desaturase- und/oder Elongase-Gens oder mehrerer Desaturase- und Elongase-Gene in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthetefluss zum Endprodukt erhöhen, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöhen oder de novo schaffen. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Feinchemikalien (z.B. Fettsäuren, polaren und neutralen Lipiden) nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Fettsäuren und Lipide sind selbst als Feinchemikalien wünschenswert; durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Desaturasen und/oder Elongasen, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität einer oder mehrerer Desaturasen, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Pflanzen zu steigern.

Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teilen von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teilen davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 ist, so dass

18

das Protein oder der Teil davon eine Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehält. Vorzugsweise hat das Protein oder der Teil davon, das/der von dem Nukleinsäuremolekül kodiert wird, seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen von Pflanzen notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft ist das von den Nukleinsäuremolekülen kodierte Protein zu mindestens etwa 50 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr homolog zu einer Aminosäuresequenz der Sequenz SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Bevorzugt ist das Protein ein Vollängen-Protein, das im wesentlichen in Teilen homolog zu einer gesamten Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 (die von dem in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten offenen Leserahmen herrührt) ist. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der verwendeten Desaturasen und der Elongase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenzen mit SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren in einer Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei desaturierte C₁₈- oder C₂₀₋₂₂-Kohlenstoffketten mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier oder fünf Stellen gemeint ist.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Pilzen oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen Physcomitrella, Thraustochytrium, Phytophthora, Ceratodon, Isochrysis, Aleurita, Muscaroides, Mortierella, Borago, Phaeodactylum, Cryptecodium oder aus Nematoden wie Ceanorhabditis, speziell aus den Gattungen und Arten Physcomitrella patens, Phytophthora infestans, Ceratodon purpureus, Isochrysis galbana, Aleurita farinosa, Muscaroides vialii, Mortierella alpina, Borago officinalis, Phaeodactylum tricornutum oder Ceanorhabditis elegans.

Alternativ können die verwendeten isolierten Nukleotidsequenzen für Desaturasen oder Elongasen codieren, die an eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 hybridisieren, z.B. unter stringenten 5 Bedingungen hybridisieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

10 Vorteilhafte Expressionskassetten werden in SEQ ID NO: 33 bis 37 wiedergegeben. Dabei werden die für die Desaturasen und/oder die Elongasen codierenden Nukleinsäuresequenzen mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung 15 der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort 20 exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche 25 Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch ein- 30 facher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt 35 und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch 40 eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. 45 Die Δ5-Desaturase-/Δ6-Desaturase und/oder Δ6-Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine

20

Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein
5 und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

10 Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale
15 wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere
20 Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch Seq ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 definiert sind und gem. SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 Polypeptide kodieren. Die genannten Desaturasen führen dabei eine Doppel-
25 bindung in Δ-5 oder Δ-6-Position ein, wobei das Substrat ein, zwei, drei oder vier Doppelbindungen aufweisen. Die Elongase (Δ-6-Elongase) besitzt eine Enzymaktivität, die eine Fettsäure um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig
30 mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.

Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem cos-, tac-, trp-, tet-,
35 trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacI^Q-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, λ-P_R- oder λ-P_L-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulationssequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren amy und SPO2, in den Hefe- oder Pilzpromotoren ADC1,
40 Mfα, AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH oder in den Pflanzen-promotoren CaMV/35S [Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294], PRP1 [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzier-
45 bare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397-404 (Gatz et al., Tetra-cyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinsäure-induzierbar)

oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der

5 Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus Glycine max (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz

10 besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der LeB4-, DC3, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und

15 15 in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus *Arabidopsis*), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus *Phaseolus vulgaris*), WO 91/13980 (Bce4-Promotor aus *Brassica*), von Baeumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233-239 (LeB4-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich

20 20 diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen lpt-2- oder lpt-1-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

25 Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samenspezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotylydonen als auch aus monokotylydonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind

35 40 vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (*Vicia faba*) [Bäumlein et al., Mol. Gen Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (*Arabidopsis thaliana*) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin (*Phaseolus vulgaris*) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J., 2,2, 1992], Lpt2 und lpt1(Gerste) [WO 95/15389 u. WO95/23230], Samen-

spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) 5 [WO 98/08962], Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder β -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 10 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein 15 Ethanol-induzierbarer Promotor.

Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte 20 jede der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Δ -6-Desaturase, die Δ -5-Desaturase oder die Δ -6-Elongase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinations- 25 ereignissen früheren können. Die Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu expremierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wieder- 30 holt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal (siehe Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 33 bis 37). Die Nukleinsäure- 35 sequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. 40 vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein, ohne dass dadurch die Expression 45 wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren

verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationseignissen führen.

5 Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1 Terminator.
Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unter-
10 schiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene,
15 wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäure-
20 konstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nuklein- säurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus
25 der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP [= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Tri-
30 acylglycerol-Lipasen, Allenoxyd-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet.

Dabei können die vorgenannten Desaturasen in Kombination mit Elongasen und anderen Desaturasen in erfindungsgemäßigen
35 Expressionskassetten kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten
40 Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhafterweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem
45 beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen

in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren,
5 enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäure, die für Δ-5- oder Δ-6-Desaturen oder Δ-6-Elonagassen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels. Wie hier verwendet, betrifft
10 der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler
15 Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressions-
20 vektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen,
25 wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

35

Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotid-

sequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die 5 Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, 10 CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer 15 Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß, dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirts- 20 zelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Desaturasen und Elongasen in prokaryotischen oder 25 eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheitshalber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können Desaturase- und/oder Elongase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressions- 30 vektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., 35 S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, 40 Marine Biotechnology 1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturase-udocohnilembus, Euplates, Engelmaniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem 45 Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-

mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe, pKC30, pRep4, pHs1, pHs2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III¹¹³-B1, λ gt11 or pBdCI, in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen pYeDesaturasecl (Baldari et al. (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) 5 *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in: van den Hondel, 10 C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of fungi*, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: *More Gene Manipulations in Fungi* [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic 15 Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1, YEp6, YEp13 oder pEMBLYe23.

Alternativ können die Desaturasen und/oder Elongasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren 20 exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

25 Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum Beispiel beschrieben in: *Cloning Vectors* (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam- 30 New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expressionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor 35 Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

Bei einer weiteren Ausführungsform können des Verfahrens können die Desaturasen und/oder Elongasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, *Marine Biotechnology* 40 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B. Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) 45 "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant

28

transformation", Nucl. Acids Res. 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

5

Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, 10 erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus Agrobacterium tumefaciens-t-DNA stammen, wie das als Octopinsynthase bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., EMBO J. 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber 15 auch alle anderen in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette 20 vorzugsweise andere funktionsfähig verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, Nucl. Acids Research 15:8693-8711).

25

Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive 30 Promotoren (Benfey et al., EMBO J. 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., Cell 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

35

Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine Über- 40 sicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, 45 Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeit- spezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetra- cyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

10

Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stress- bedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80- Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alpha- amylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375.091).

Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Lipid- und Ölbiosynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin- Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Baeumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamín-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Desaturasen und/Elongasen allein oder in Kombination mit anderen Desaturasen oder Elongasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können mehrere Vektoren mit jeweils

mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die
5 plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden
das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige End-
produkte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete
Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind
beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-
10 Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen
über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken
einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion",
15 Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine
Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum
Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle,
einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Copräzi-
pitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion,
20 natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektro-
poration oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren
zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließ-
lich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al.
(Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring
25 Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold
Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie
Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium
protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa,
New Jersey.

30 Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen
Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des er-
findungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen
oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise ver-
35 wendeten Wirtsorganismen sind Organismen, wie Bakterien, Pilze,
Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile
davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet,
besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen,
wie Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen
40 enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola,
Lein, Soja, Safflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie
Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle,
Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel,
Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Busch-
45 pflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölplame,
Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte.
Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfrucht-

pflanzen, wie Soja, Erdnuß, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Safflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuß).

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Nuklein-
5 säuresequenzen verwendet, die für die Polypeptide mit
einer Δ-6-Desaturaseaktivität, Δ-6-Elongaseaktivität oder
Δ-5-Desaturaseaktivität codierenden, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1,
10 SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9,
SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17,
SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25,
SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten
Sequenz,
- 15 b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten
genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2,
SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10,
SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18,
20 SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26,
SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten
Aminosäuresequenzen erhalten werden,
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5,
25 SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13,
SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21,
SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29
oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die
für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4,
30 SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12,
SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20,
SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28,
SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäure-
35 sequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Amino-
säureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der
Polypeptide wesentlich reduziert ist.

Die oben genannte erfindungsgemäße Nukleinsäure stammt von
Organismen, wie Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen
40 oder Dinoflagellaten, die PUFA's synthetisieren können.

Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst
zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs
gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200,
45 besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromauwärts des
5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt
50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der Sequenz stromabwärts

des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes" Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuremolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

15 Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO:1 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann mithilfe von Ver-
20 gleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäure-ebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual.
25 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13,
30 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei Oligonukleotid-primer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Poly-
35 merasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktions-verfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299)
40 und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St.Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotid-primer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion lassen
45 sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 sowie der in Figur 5a gezeigten Sequenzen oder mithilfe der in SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8,

10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomicischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß 5 Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispiels- 10 weise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

Homologe der verwendeten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäure-sequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 80 bis 90 % oder 90 bis 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder 20 mehr Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotid-sequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 25 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenten Bedingungen hybridisiert. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in 30 SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die 35 enzymatische Aktivität der Desaturase oder Elongase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeuten Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch 40 SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 kodierten Protein.

Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, 45 Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

Homologen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaus-
5 tausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktiveren Promotoren, sogar
10 aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Desaturase- oder Elongaseaktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport
15 lipphiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen Verfahren zur Modulation der Produktion von Verbindungen der allgemeinen Formel I in transgenen Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein,
20 Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futter-
25 feldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat)
verwenden und/oder können eine indirekt Auswirkung haben, die
30 dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion einer gewünschten Verbindung oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion
35 und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der gewünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosynthese-
40 enzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs) nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Acetoacetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsg.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen).

Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C₁₈-Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C₂₀ und C₂₂ verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicos- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der Δ-5- und Δ-6-Desaturase und der Δ-6-Elongase können Arachidonsäure und Eicosapentaensäure sowie verschiedene andere langkettige PUFAs erhalten, extrahiert und für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können vorzugsweise C₁₈ + C₂₀ Fettsäuren mit mindestens zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise zu C₂₀-Fettsäuren mit vorteilhaft drei, vier oder fünf Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C₂₀ zu C₂₂-Fettsäuren, zu Fettsäuren wie γ-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate im erfundungsgemäßen Verfahren sind zum Beispiel Linolsäure, γ-Linolensäure, α-Linolensäure, Dihomo-γ-linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte

36

Substrate sind Linolsäure, γ -Linolensäure und/oder α -Linolensäure, dihomo- γ -linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die C₁₈-oder C₂₀-Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im 5 erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester (siehe Formel I) beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei 10 Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder 15 andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch 20 Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

25 Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsg.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant 35 Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsg.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Günemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 40 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsg.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant

Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal.
13(1):1-16.

Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von
5 Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können
und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr aus-
reichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen
müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien,
synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure
10 nicht mehr synthetisieren..

Der Begriff "Desaturase oder Elongase" oder "Desaturase- oder
Elongase-Polypeptid" im Sinne der Erfindung umfasst Proteine, die
an der Desaturierung und Elongierung von Fettsäuren teilnehmen,
15 sowie ihre Homologen, Derivate oder Analoga. Die Begriffe
Desaturase oder Elongase-Nukleinsäuresequenz(en) umfassen
Nukleinsäuresequenzen, die eine Desaturase oder Elongase kodieren
und bei denen ein Teil eine kodierende Region und ebenfalls
entsprechende 5'- und 3'-untranslatierte Sequenzbereiche sein
20 können. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind
im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des
Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer
bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen
gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Der Begriff
25 Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung
einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange
die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer
Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/
Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die
30 Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt
(d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise
ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Er-
höhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge
der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle
35 dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen
festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Bio-
syntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese
einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung,
durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in
40 einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe
Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die
Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Ver-
bindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt,
kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem
45 Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoff-
wechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der
biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden.

Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauwege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

5

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls Proteine mit mindestens 50 %, vorteilhaft etwa 50 bis 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 bis 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 bis 80 %, 10 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32. Die Homologie der Aminosäuresequenz kann über den gesamten Sequenzbereich mit 15 dem Programm PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5, 1989:151-153) oder BESTFIT oder GAP bestimmt (Henikoff, S. and Henikoff, J. G. (1992). Amino acid substitution matrices from protein blocks. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 10915-10919.)

20

Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 1, 3, 5 oder 11 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Desaturase. 25 kodieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 30 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 gezeigten Desaturase-Nukleotidsequenzen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Desaturasen oder Elongasen führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Desaturase- oder Elongase-Gen 35 können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Desaturase- oder Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Desaturase oder Elongase, die das Ergebnis 40 natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von Desaturasen oder Elongasen nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

45 Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Desaturase- oder Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung

der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 5 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet 10 werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, 15 die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John 20 Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringenten Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodiumcitrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschriften in 0,2 x SSC, 25 0,1 % SDS bei 50 bis 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise 30 unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. 35 Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für 40 eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, 45 folgenden Lehrbüchern "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at

Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

5 Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 10 oder 31) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an 15 den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure- 20 oder Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der 25 Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen.

Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das eine Desaturase oder Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 2, 30 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30 oder 32 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotid-substitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotid-sequenz der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere 35 Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 durch Standardtechniken, wie stellen-spezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, ein- 40 gebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäure-substitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konser-vativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausge- 45 tauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin,

Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryptophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Desaturase oder Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Amino-

5 särerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht.

Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Desaturase-kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können

10 15 nach der hier beschriebenen Desaturase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die Desaturase- oder Elongase-Aktivität beibehalten. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29 oder 31 kann das kodierte Protein rekombinant

20 exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefaßt werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

30 Beispielteil

Beispiel 1: Allgemeine Verfahren

a) Allgemeine Klonierungsverfahren:

35 Klonierungsverfahren, wie beispielsweise Restriktionsspaltungen, Agarosegelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrocellulose- und Nylonmembranen, Verbindung von DNA-Fragmenten, Transformation von Escherichia coli- und Hefe-Zellen, Anzucht von Bakterien und Sequenzanalyse rekombinanter DNA, wurden durchgeführt wie beschrieben in Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) oder Kaiser, Michaelis und Mitchell (1994) "Methods in Yeast Genetics" (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-451-3).

b) Chemikalien

Die verwendeten Chemikalien wurden, wenn im Text nicht anders angegeben, in p. A.-Qualität von den Firmen Fluka (Neu-Ulm),

5 Merck (Darmstadt), Roth (Karlsruhe), Serva (Heidelberg) und Sigma (Deisenhofen) bezogen. Lösungen wurden unter Verwendung von reinem pyrogenfreiem Wasser, im nachstehenden Text als H₂O bezeichnet, aus einer Milli-Q-Wassersystem-Wasserreinigungsanlage (Millipore, Eschborn) hergestellt. Restriktionsendo-
10 nukleasen, DNA-modifizierende Enzyme und molekularbiologische Kits wurden bezogen von den Firmen AGS (Heidelberg), Amersham (Braunschweig), Biometra (Göttingen), Boehringer (Mannheim), Genomed (Bad Oeynhausen), New England Biolabs (Schwalbach/Taunus), Novagen (Madison, Wisconsin, USA), Perkin-Elmer
15 (Weiterstadt), Pharmacia (Freiburg), Qiagen (Hilden) und Stratagene (Amsterdam, Niederlande). Wenn nicht anders angegeben, wurden sie nach den Anweisungen des Herstellers verwendet.

20 Beispiel 2: Isolierung von Gesamt-RNA und poly(A)⁺-RNA aus Pflanzen

Die Isolierung von Gesamt-RNA aus Pflanzen wie Lein und Raps etc. erfolgt nach einer bei Logemann et al beschriebenen

25 Methode (1987, Anal. Biochem. 163, 21) isoliert. Aus Moos kann die Gesamt-RNA Protonema-Gewebe nach dem GTC-Verfahren (Reski et al., 1994, Mol. Gen. Genet., 244:352-359) gewonnen werden.

Beispiel 3: Transformation von Agrobacterium

30

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann zum Beispiel unter Verwendung des GV3101- (pMP90-) (Koncz und Schell, Mol. Gen. Genet. 204 (1986) 383-396) oder LBA4404- (Clontech) oder C58C1 pGV2260 (Deblaere et al 1984, Nucl. Acids Res. 13, 35 4777-4788) Agrobacterium tumefaciens-Stamms durchgeführt werden. Die Transformation kann durch Standard-Transformationstechniken durchgeführt werden (ebenfalls Deblaere et al. 1984).

Beispiel 4: Pflanzentransformation

40

Die Agrobacterium-vermittelte Pflanzentransformation kann unter Verwendung von Standard-Transformations- und Regenerations-techniken durchgeführt werden (Gelvin, Stanton B., Schilperoort, Robert A., Plant Molecular Biology Manual, 2. Aufl., Dordrecht:
45 Kluwer Academic Publ., 1995, in Sect., Ringbuc Zentrale Signatur: BT11-P ISBN 0-7923-2731-4; Glick, Bernard R., Thompson, John E.,

Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, Boca Raton:
CRC Press, 1993, 360 S., ISBN 0-8493-5164-2).

Beispielsweise kann Raps mittels Kotyledonen- oder Hypokotyl-
5 transformation transformiert werden (Moloney et al., Plant
Cell 8 (1989) 238-242; De Block et al., Plant Physiol. 91 (1989)
694-701). Die Verwendung von Antibiotika für die Agrobacterium-
und Pflanzenselektion hängt von dem für die Transformation
verwendeten binären Vektor und Agrobacterium-Stamm ab. Die
10 Rapsselektion wird gewöhnlich unter Verwendung von Kanamycin
als selektierbarem Pflanzenmarker durchgeführt.

Der Agrobacterium-vermittelte Gentransfer in Lein (*Linum
usitatissimum*) lässt sich unter Verwendung von beispielsweise
15 einer von Mlynarova et al. (1994) Plant Cell Report 13:282-285
beschriebenen Technik durchführen.

Die Transformation von Soja kann unter Verwendung von beispiels-
weise einer in EP-A-0 0424 047 (Pioneer Hi-Bred International)
oder in EP-A-0 0397 687, US 5,376,543, US 5,169,770 (University
20 Toledo) beschriebenen Technik durchgeführt werden.

Die Pflanzentransformation unter Verwendung von Teilchen-
beschuss, Polyethylenglycol-vermittelter DNA-Aufnahme oder
über die Siliziumcarbonatfaser-Technik ist beispielsweise bes-
25 chrieben von Freeling und Walbot "The maize handbook" (1993)
ISBN 3-540-97826-7, Springer Verlag New York).

Beispiel 5: Plasmide für die Pflanzentransformation

30 Zur Pflanzentransformation können binäre Vektoren, wie pBinAR
(Höfgen und Willmitzer, Plant Science 66 (1990) 221-230) oder
pGPTV (Becker et al 1992, Plant Mol. Biol. 20:1195-1197) ver-
wendet werden. Die Konstruktion der binären Vektoren kann durch
Ligation der cDNA in Sense- oder Antisense-Orientierung in
35 T-DNA erfolgen. 5' der cDNA aktiviert ein Pflanzenpromotor die
Transkription der cDNA. Eine Polyadenylierungssequenz befindet
sich 3' von der cDNA. Die binären Vektoren können unterschied-
liche Markergene tragen. Insbesondere kann das nptII-Markergen
codierend für Kanamycin-Resistenz vermittelt durch Neomycin-
40 phosphotransferase gegen die herbizidresistente Form eines
Acetolactat Synthasegens (AHAS oder ALS) ausgetauscht werden.
Das ALS-Gen ist beschrieben in Ott et al., J. Mol. Biol. 1996,
263:359-360. Der v-ATPase-c1-Promotor kann in das Plasmid pBin19
oder pGPTV kloniert werden und durch Klonierung vor das ALS
45 Codierregion für die Markergenexpression genutzt werden. Der
genannte Promotor entspricht einem 1153 Basenpaarfragment aus
beta-Vulgaris (Plant Mol Biol, 1999, 39:463-475). Dabei können

44

sowohl Sulphonylharnstoffe als auch Imidazolinone wie Imazethapyr oder Sulphonylharnstoffe als Antimetaboliten zur Selektion verwendet werden.

5 Die gewebespezifische Expression lässt sich unter Verwendung eines gewebespezifischen Promotors erzielen. Beispielsweise kann die samenspezifische Expression erreicht werden, indem der DC3- oder der LeB4- oder der USP-Promotor oder der Phaseolin-Promotor 5' der cDNA einkloniert wird. Auch jedes andere samenspezifische
10 Promotorelement wie z.B. der Napin- oder Arcelin Promotor Goossens et al. 1999, Plant Phys. 120(4):1095-1103 und Gerhardt et al. 2000, Biochimica et Biophysica Acta 1490(1-2):87-98) kann verwendet werden. Zur konstitutiven Expression in der ganzen Pflanzen lässt sich der CaMV-35S-Promotor oder ein v-ATPase C1
15 Promotor verwenden.

Insbesondere lassen sich Gene codierend für Desaturasen und Elongasen durch Konstruktion mehrerer Expressionskassetten hintereinander in einen binären Vektor klonieren, um den Stoffwechselweg
20 in Pflanzen nachzubilden.

Innerhalb einer Expressionskassette kann das zu exprimierende Protein unter Verwendung eines Signalpeptids, beispielsweise für Plastiden, Mitochondrien oder das Endoplasmatische Retikulum, in
25 ein zelluläres Kompartiment dirigiert werden (Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423). Das Signalpeptid wird 5' im Leseraster mit der cDNA einkloniert, um die subzelluläre Lokalisierung des Fusionsprotein zu erreichen.

30 Beispiele für Multiexpressionskassetten sind im folgenden gegeben.

I.) Promotor-Terminator-Kassetten

35 Expressionskassetten bestehen aus wenigstens zwei funktionellen Einheiten wie einem Promotor und einem Terminator. Zwischen Promotor und Terminator können weitere gewünschte Gensequenzen wie Targetting-Sequenzen, Codierregionen von Genen oder Teilen davon etc. eingefügt werden. Zum Aufbau von Expressionskassetten
40 werden Promotoren und Terminatoren (USP Promotor: Baeumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67); OCS Terminator: Gielen et al. EMBO J. 3 (1984) 835ff.) mithilfe der Polymerasekettenreaktion isoliert und mit flankierenden Sequenzen nach Wahl auf Basis von synthetischen Oligonukleotiden maßgeschneidert.

Folgende Oligonukleotide können beispielsweise verwendet werden:

USP1 vorne: CCGGAATTGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTCACACATTGCCA

USP2 vorne: CCGGAATTGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTCACACATTGCCA

5 USP3 vorne: CCGGAATTGGCGCGCCGAGCTCCTCGAGCAAATTCACACATTGCCA

USP1 hinten: AAAACTGCAGGGCGCCACC CGGGTGGCTGGCTATGAAGAAATT

USP2 hinten: CGCGGATCCGCTGGCTATGAAGAAATT

USP3 hinten: TCCCCCGGGATCGATGCCGGAGATCTGCTGGCTATGAAGAAATT

OCS1 vorne: AAAACTGCAGTCTAGAAGGCCTCTGCTTAATGAGATAT

10 OCS2 vorne: CGCGGATCCGATATGGGCCGCTAGCGTTAACCTGCTTAATGAGATAT

OCS3 vorne: TCCCCCGGGCATGGCCTGCTTAATGAGATAT

OCS1 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGAATTCTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS2 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

OCS3 hinten: CCCAAGCTTGGCGCGCCGAGCTCGACGGACAATCAGTAAATTGA

15

Die Methoden sind dem Fachmann auf dem Gebiet bekannt und sind allgemein literaturbekannt.

In einem ersten Schritt werden ein Promotor und ein Terminator
20 über PCR amplifiziert. Dann wird der Terminator in ein Empfänger-
plasmid kloniert und in einem zweiten Schritt der Promotor vor
den Terminator inseriert. Mithin erhält man eine Expressions-
kassette auf einem Trägerplasmid. Auf Basis des Plamides pUC19
werden die Plasmide pUT1, 2 und 3 erstellt.

25

Die Konstrukte sind erfindungsgemäß in SEQ ID NO: 33, 34 bis 42
definiert. Sie enthalten den USP-Promotor und den OCS Terminator.
Auf Basis dieser Plasmide wird das Konstrukt pUT12 erstellt,
indem pUT1 mittels SalI/ScaI geschnitten wird und pUT2 mittels
30 XhoI/ScaI geschnitten wird. Die die Expressionskassetten enthal-
tenden Fragmente werden ligiert und in E. coli XLI blue MRF
transformiert. Es wird nach Vereinzelung ampicillinresistenter
Kolonien DNA präpariert und per Restriktionsanalyse solche Klone
identifiziert, die zwei Expressionskassetten enthalten. Die XhoI/
35 SalI Ligation kompatibler Enden hat dabei die beiden Schnitt-
stellen XhoI und SalI zwischen den Expressionskassetten elemi-
niert. Es resultiert das Plasmid pUT12, das in SEQ ID NO: 36
definiert ist. Anschließend wird pUT12 wiederum mittels SalI/ScaI
geschnitten und pUT3 mittels XhoI/ScaI geschnitten. Die die
40 Expressionskassetten enthaltenden Fragmente werden ligiert und
in E. coli XLI blue MRF transformiert. Es wird nach Vereinzelung
ampicillinresistenter Kolonien DNA präpariert und per Restrik-
tionsanalyse solche Klone identifiziert, die drei Expressions-
kassetten enthalten. Auf diese Weise wird ein Set von Multi-
45 expressionskassetten geschaffen, dass für die Insertion

46

gewünschter DNA genutzt werden kann und in Tabelle 1 beschrieben wird und zudem noch weitere Expressionskassetten aufnehmen kann.

Diese enthalten folgende Elemente:

5

Tabelle 1

	PUC19-Derivat	Schnittstellen vor dem USP Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
10	PUT1	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT2	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
	PUT3	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/ AscI/HindIII
15	PUT12 Doppel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI Und BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	SalI/EcoRI/ SacI/AscI/ HindIII
20	PUT123 Tripel-expressions-kassette	EcoRI/AscI/ SacI/XhoI	1. BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und 2. BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI und 3. BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	SalI/SacI/AscI/HindIII

Weiterhin lassen sich wie beschrieben und wie in Tabelle 2 näher spezifiziert weitere Multiexpressionskassetten mithilfe des

- i) USP-Promotors oder mithilfe des
- ii) 700 Basenpaare 3'-Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- iii) DC3-Promotors erzeugen und für samenspezifische Genexpression einsetzen.

Der DC3-Promotor ist beschrieben bei Thomas, Plant Cell 1996, 263:359-368 und besteht lediglich aus der Region -117 bis +26 weshalb er mithin einer der kleinsten bekannten samenspezifischen Promotoren darstellt. Die Expressionskassetten können mehrfach den selben Promotor enthalten oder aber über drei verschiedene Promotoren aufgebaut werden.

Dem Sequenzprotokoll SEQ ID NO: 43 bis 49 sind die für die Pflanzentransformation verwendeten Vektoren sowie die Sequenzen der inserierten Gene/Proteine zu entnehmen.

Vorteilhaft verwendete Polylinker- bzw. Polylinker-Terminator-Polylinker sind den Sequenzen SEQ ID NO: 50 bis 52 zu entnehmen.

Tabelle 2: Multiple Expressionskassetten

	Plasmidname des pUC19-Derivates	Schnittstellen vor dem jeweiligen Promotor	Multiple Klonierungs-Schnittstellen	Schnittstellen hinter dem OCS-Terminator
5	PUT1 (pUC19 mit USP-OCS1)	EcoRI/AscI/SacI/XbaI	(1) BstXI/NotI/PstI/XbaI/StuI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
10	PDCT (pUC19 mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XbaI	(2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
15	PleBT (pUC19 mit LeB4(700)-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XbaI	(3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII
20	PUD12 (pUC19 mit USP-OCS1 und mit DC3-OCS)	EcoRI/AscI/SacI/XbaI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/EcoRV/ ApaI/NheI/ HpaI	Sall/EcoRI/SacI/AscI/HindIII
25	PUDL123 Triple expression cassette (pUC19 mit USP/DC3 und LeB4-700)	EcoRI/AscI/SacI/XbaI	(1) BstXI/NotI/ PstI/XbaI/StuI und (2) BamHI/ (EcoRV*)/ApaI/NheI/ HpaI und (3) BglII/NaeI/ ClaI/SmaI/NcoI	Sall/SacI/AscI/HindIII

* EcoRV Schnittstelle schneidet im 700 Basenpaarfragment des LeB4 Promotors (LeB4-700)

Analog lassen sich weitere Promotoren für Multigenkonstrukte erzeugen insbesondere unter Verwendung des

- a) 2,7 kB Fragmentes des LeB4-Promotors oder mithilfe des
- 30 b) Phaseolin-Promotors oder mithilfe des
- c) konstitutiven v-ATPase c1-Promotors.

Es kann insbesondere wünschenswert sein, weitere besonders geeignete Promotoren zum Aufbau samenspezifischer Multiexpressions-35 kassetten wie z.B. den Napin-Promotor oder den Arcelin-5 Promotor zu verwenden.

II) Erstellung von Expressionskonstrukten, die Promotor, Terminator und gewünschte Gensequenz zur PUFA Genexpression 40 in pflanzlichen Expressionskassetten enthalten.

In PUT123 wird zunächst über BstXI und XbaI die Δ-6-Elongase Pp_PSE1 in die erste Kassette inseriert. Dann wird die Δ-6-Desaturase aus Moos (Pp_des6) über BamHI/NaeI in die 45 zweite Kassette inseriert und schließlich die Δ-5-Desaturase aus Phaeodactylum (Pt_des5) über BglII/NcoI in die dritte Kassette inseriert. Das Dreifachkonstrukt erhält den Namen pARA1.

Unter Berücksichtigung sequenzspezifischer Restriktionsschnittstellen können weitere Expressionskassetten gemäß Tabelle 3 mit der Bezeichnung pARA2, pARA3 und pARA4 erstellt werden.

5 Tabelle 3: Kombinationen von Desaturasen und Elongasen

Gen Plasmid	Δ-6-Desaturase	Δ-5-Desaturase	Δ-6-Elongase
pARA1	Pp_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA2	Pt_des6	Pt_des5	Pp_PSE1
pARA3	Pt_des6	Ce_des5	Pp_PSE1
PARA4	Ce_des6	Ce_des5	Ce_PSE1

Pp = *Physcomitrella patens*, Pt = *Phaeodactylum tricornutum*
 15 Pp_PSE1 entspricht der Sequenz aus SEQ ID NO: 9.
 PSE = PUFA spezifische Δ-6-Elongase
 Ce_des5 = Δ-5-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank
 Acc. Nr. AF078796)
 Ce_des6 = Δ-6-Desaturase aus *Caenorhabditis elegans elegans*
 20 (Genbank Acc. Nr. AF031477, Basen 11-1342)
 Ce_PSE1 = Δ-6-Elongase aus *Caenorhabditis elegans* (Genbank
 Acc. Nr. AF244356, Basen 1-867)

Auch weitere Desaturasen oder Elongasegensequenzen können in
 25 Expressionskassetten beschriebener Art inseriert werden wie
 z.B. Genbank Acc. Nr. AF231981, NM_013402, AF206662, AF268031,
 AF226273, AF110510 oder AF110509.

iii) Transfer von Expressionskassetten in Vektoren zur
 30 Transformation von Agrobakterium tumefaciens und zur
 Transformation von Pflanzen

Die so erstellten Konstrukte werden mittels AscI in den binären
 Vektor pGPTV inseriert. Die multiple Klonierungssequenz wird zu
 35 diesem Zweck um eine AscI Schnittstelle erweitert. Zu diesem
 Zweck wird der Polylinker als zwei doppelsträngige Oligonukleo-
 tide neu synthetisiert, wobei eine zusätzliche AscI DNA Sequenz
 eingefügt wird. Das Oligonukleotid wird mittels EcoRI und HindIII
 40 in den Vektor pGPTV inseriert. Die notwendigen Kloniertechniken
 sind dem Fachmann bekannt und können einfach wie in Beispiel 1
 beschrieben nachgelesen werden.

Beispiel 6: Untersuchung der Expression eines rekombinanten Genproduktes in einem transformierten Organismus

Die Aktivität eines rekombinanten Genproduktes im transformierten Wirtsorganismus kann auf der Transkriptions- und/oder der Translationsebene gemessen werden.

Ein geeignetes Verfahren zur Bestimmung der Menge an Transkription des Gens (ein Hinweis auf die Menge an RNA, die für die Translation des Genproduktes zur Verfügung steht) ist die Durchführung eines Northern-Blots wie unten ausgeführt (als Bezugsstelle siehe Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York, oder den oben erwähnten Beispielteil), wobei ein Primer, der so gestaltet ist, dass er an das Gen von Interesse bindet, mit einer nachweisbaren Markierung (gewöhnlich radioaktiv oder chemilumineszent) markiert wird, so dass, wenn die Gesamt-RNA einer Kultur des Organismus extrahiert, auf einem Gel aufgetrennt, auf eine stabile Matrix transferiert und mit dieser Sonde inkubiert wird, die Bindung und das Ausmaß der Bindung der Sonde das Vorliegen und auch die Menge der mRNA für dieses Gen anzeigen. Diese Information zeigt den Grad der Transkription des transformierten Gens an. Zelluläre Gesamt-RNA kann aus Zellen, Geweben oder Organen mit mehreren Verfahren; die alle im Fachgebiet bekannt sind, wie zum Beispiel das von Bormann, E.R., et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326 beschriebene, präpariert werden.

Northern-Hybridisierung:

Für die RNA-Hybridisierung wurden 20 µg Gesamt-RNA oder 1 µg poly(A)⁺-RNA mittels Gelelektrophorese in Agarosegelen mit einer Stärke von 1,25 % unter Verwendung von Formaldehyd, wie beschrieben in Amasino (1986, Anal. Biochem. 152, 304) aufgetrennt, mittels Kapillaranziehung unter Verwendung von 10 x SSC auf positiv geladene Nylonmembranen (Hybond N+, Amersham, Braunschweig) übertragen, mittels UV-Licht immobilisiert und 3 Stunden bei 68°C unter Verwendung von Hybridisierungspuffer (10 % Dextransulfat Gew./Vol., 1 M NaCl, 1 % SDS, 100 mg Herring-sperma-DNA) vorhybridisiert. Die Markierung der DNA-Sonde mit dem Highprime DNA labeling-Kit (Roche, Mannheim, Deutschland) erfolgte während der Vorhybridisierung unter Verwendung von alpha-³²P-dCTP (Amersham, Braunschweig, Deutschland). Die Hybridisierung wurde nach Zugabe der markierten DNA-Sonde im gleichen Puffer bei 68°C über Nacht durchgeführt. Die Waschschritte wurden zweimal für 15 min unter Verwendung von 2 X SSC und zweimal für 30 min unter Verwendung von 1 X SSC, 1 % SDS, bei 68°C durch-

50

geführt. Die Exposition der verschlossenen Filter wurde bei -70°C für einen Zeitraum von 1 bis 14 T durchgeführt.

Zur Untersuchung des Vorliegens oder der relativen Menge an von 5 dieser mRNA translatiertem Protein können Standardtechniken, wie ein Western-Blot, eingesetzt werden (siehe beispielsweise Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York). Bei diesem Verfahren werden die zellulären Gesamt-Proteine extrahiert, mittels Gelelektrophorese aufgetrennt, 10 auf eine Matrix, wie Nitrozellulose, übertragen und mit einer Sonde, wie einem Antikörper, der spezifisch an das gewünschte Protein bindet, inkubiert. Diese Sonde ist gewöhnlich mit einer chemilumineszenten oder kolorimetrischen Markierung versehen, die sich leicht nachweisen lässt. Das Vorliegen und die Menge 15 der beobachteten Markierung zeigt das Vorliegen und die Menge des gewünschten, in der Zelle vorliegenden mutierten Proteins an.

Beispiel 7: Analyse der Auswirkung der rekombinanten Proteine auf die Produktion des gewünschten Produktes

20 Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen, Algen, Ciliaten oder auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze 25 unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d.h. von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese Analyse-techniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, 30 Dünnschichtchromatographie, Färbeverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing 40 for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und 45 Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

51

Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative 5 und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/ Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily 10 Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist 15 es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z.B. Zucker, 20 Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied 25 Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103-129; 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

30 Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschicht-chromatographie).

35 Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte 40 Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33:343-353).

Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder 45 über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C

52

erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben.

5 Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen

10 Fettsäuremethylester muss unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definiert werden.

Bei Fettsäuren, für die keine Standards verfügbar sind, muss die

15 Identität über Derivatisierung und anschließende GC-MS-Analyse gezeigt werden. Beispielsweise muss die Lokalisierung von Fett- säuren mit Dreifachbindung über GC-MS nach Derivatisierung mit 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998, siehe oben) gezeigt werden.

20 Expressionskonstrukte in heterologen mikrobiellen Systemen

Stämme, Wachstumsbedingungen und Plasmide

25 Der Escherichia coli-Stamm XL1 Blue MRF' kan (Stratagene) wurde zur Subklonierung der neuen Desaturase pPDesaturasel aus *Physcomitrella patens* verwendet. Für die funktionelle Expression dieses Gens verwendeten wir den *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm INVSc 1 (Invitrogen Co.). *E. coli* wurde in Luria-Bertini-Brühe (LB, 30 Duchefa, Haarlem, Niederlande) bei 37°C kultiviert. Wenn nötig, wurde Ampicillin (100 mg/Liter) zugegeben, und 1,5 % Agar (Gew./ Vol.) wurde für feste LB-Medien hinzugefügt. *S. cerevisiae* wurde bei 30°C entweder in YPG-Medium oder in komplettem Minimalmedium ohne Uracil (CMdum; siehe in: Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, 35 R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K., Albright, L.B., Coen, D.M., und Varki, A. (1995) Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, New York) mit entweder 2 % (Gew./Vol.) Raffinose oder Glucose kultiviert. Für feste Medien wurden 2 % (Gew./Vol.) Bacto™-Agar (Difco) 40 hinzugefügt. Die zur Klonierung und Expression verwendeten Plasmide sind pUC18 (Pharmacia) und pYES2 (Invitrogen Co.).

Beispiel 8: Klonierung und Expression PUFA-spezifischer Desaturasen und Elongaen

Für die Expression in Pflanzen wurden cDNA Klone aus
5 SeQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27,
29, 31. so modifiziert, dass lediglich die Codierregion mittels
Polymerase Kettenreaktion unter Zuhilfenahme zweier Oligo-
nukleotide amplifiziert werden. Dabei wurde darauf geachtet,
dass eine Konsensusequenz vor dem Startcodon zur effizienten
10 Translation eingehalten wurde. Entweder wurde hierzu die Basen-
folge ATA oder AAA gewählt und vor das ATG in die Sequenz einge-
fügt (Kozak, M. (1986) Point mutations define a sequence flanking
the AUG initiator codon that modulates translation by eukaryotic
ribosomes, Cell 44, 283-292). Vor diesem Konsensustriplett
15 wurde zusätzlich eine Restriktionsschnittstelle eingeführt,
die kompatibel sein muss zur Schnittstelle des Zielvektors,
in den das Fragment kloniert werden soll und mit dessen Hilfe
die Genexpression in Mikroorganismen oder Pflanzen erfolgen
soll.

20 Die PCR-Reaktion wurde mit Plasmid-DNA als Matrize in einem
Thermocycler (Biometra) mit der Pfu-DNA-(Stratagene) Polymerase
und dem folgenden Temperaturprogramm durchgeführt: 3 min bei 96°C,
gefolgt von 30 Zyklen mit 30 s bei 96°C, 30 s bei 55°C und 2 min
25 bei 72°C, 1 Zyklus mit 10 min bei 72°C und Stop bei 4°C. Die
Anlagerungstemperatur wurde je nach gewählten Oligonukleotiden
variiert. Pro Kilobasenpaare DNA ist von einer Synthesesezeit von
etwa einer Minute auszugehen. Weitere Parameter, die Einfluss
auf die PCR haben wie z.B. Mg-Ionen, Salz, DNA Polymerase etc.,
30 sind dem Fachmann auf dem Gebiet geläufig und können nach Bedarf
variiert werden.

Die korrekte Größe des amplifizierten DNA-Fragments wurde mittels
Agarose-TBE-Gelelektrophorese bestätigt. Die amplifizierte DNA
35 wurde aus dem Gel mit dem QIAquick-Gelextraktionskit (QIAGEN)
extrahiert und in die SmaI-Restriktionsstelle des dephosphory-
lierten Vektors pUC18 unter Verwendung des Sure Clone Ligations
Kit (Pharmacia) ligiert, wobei die pUC-Derivate erhalten wurden.
Nach der Transformation von E. coli XL1 Blue MRF' kan wurde
40 eine DNA-Minipräparation (Riggs, M.G., & McLachlan, A. (1986) A
simplified screening procedure for large numbers of plasmid mini-
preparation. BioTechniques 4, 310-313) an ampicillinresistenten
Transformanden durchgeführt, und positive Klone mittels BamHI-
Restriktionsanalyse identifiziert. Die Sequenz des klonierten
45 PCR-Produktes wurde mittels Resequenzierung unter Verwendung des

ABI PRISM Big Dye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit (Perkin-Elmer, Weiterstadt) bestätigt.

Fettsäureanalyse

5

Die Gesamt-Fettsäuren wurden aus Pflanzensamen extrahiert und mittels Gaschromatographie analysiert.

Die Samen wurden mit 1 % Natriummethanolat in Methanol aufgenommen und 20 min bei RT inkubiert. Anschließend wird mit NaCl

10 Lösung gewaschen und die FAME in 0,3 ml Heptan aufgenommen.

15 Die Proben wurden auf einer ZEBRON-ZB-Wax-Kapillarsäule (30 m, 0,32 mm, 0,25 mikro m; Phenomenex) in einem Hewlett Packard-6850-Gaschromatograph mit einem Flammenionisationsdetektor aufgetrennt. Die Ofentemperatur wurde von 70°C (1 min halten) bis 200°C mit einer Rate von 20°C/min, dann auf 250°C (5 min halten) mit einer Rate von 5°C/min und schließlich auf 260°C mit einer Rate von 5°C/min programmiert. Stickstoff wurde als Trägergas verwendet (4,5 ml/min bei 70°C). Die Fettsäuren wurden durch Vergleich mit Retentionszeiten von FAME-Standards (SIGMA)

20 identifiziert.

Expressionsanalyse

Ergebnis der Expression einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ-6-Acyl
25 Lipid Desaturase, einer *Phaeodactylum tricornutum* Δ-5-Acyl Lipid Desaturase und der delta-6 spezifischen Elongase in Tabaksamen:

Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen. Die Pflanzen wurden mit einer 3-fach Expressionskassette transformiert, die
30 unter der Kontrolle des USP Promotors die delta-6-, die delta-5- und die *Physcomitrella patens* PpPSE1 exprimiert (pARA2). Es wurden 100 transgene Tabak und Leinpflanzen hergestellt, von denen ca. 20 % Arachidonsäure im Samen synthetisierten.

35 Figur 3: Tabak Wildtypkontrolle.

Beispiel 9: Reinigung des gewünschten Produktes aus transformierten Organismen

40 Die Gewinnung des gewünschten Produktes aus Pflanzenmaterial oder Pilzen, Algen, Ciliaten, tierischen Zellen oder aus dem Überstand der vorstehend beschriebenen Kulturen kann durch verschiedene, im Fachgebiet bekannte Verfahren erfolgen. Wird das gewünschte Produkt nicht aus den Zellen sezerniert, können die Zellen aus
45 der Kultur durch langsame Zentrifugation geerntet werden, die Zellen können durch Standardtechniken, wie mechanische Kraft oder Ultraschallbehandlung, lysiert werden. Organe von Pflanzen können

55

mechanisch von anderem Gewebe oder anderen Organen getrennt werden. Nach der Homogenisation werden die Zelltrümmer durch Zentrifugation entfernt, und die Überstandsfraktion, welche die löslichen Proteine enthält, wird zur weiteren Reinigung 5 der gewünschten Verbindung aufbewahrt. Wird das Produkt aus gewünschten Zellen sezerniert, werden die Zellen durch langsame Zentrifugation aus der Kultur entfernt, und die Überstandsfraktion wird zur weiteren Reinigung aufbewahrt.

10 Die Überstandsfraktion aus jedem Reinigungsverfahren wird einer Chromatographie mit einem geeigneten Harz unterworfen, wobei das gewünschte Molekül entweder auf dem Chromatographieharz zurückgehalten wird, viele Verunreinigungen in der Probe jedoch nicht, oder die Verunreinigungen auf dem Harz zurückbleiben, die Probe 15 hingegen nicht. Diese Chromatographieschritte können wenn nötig wiederholt werden, wobei die gleichen oder andere Chromatographieharze verwendet werden. Der Fachmann ist in der Auswahl geeigneter Chromatographieharze und ihrer wirksamsten Anwendung für ein bestimmtes zu reinigendes Molekül bewandert. Das 20 gereinigte Produkt kann durch Filtration oder Ultrafiltration konzentriert und bei einer Temperatur aufbewahrt werden, bei der die Stabilität des Produktes maximal ist.
Im Fachgebiet ist ein breites Spektrum an Reinigungsverfahren bekannt, und das vorstehende Reinigungsverfahren soll nicht 25 beschränkend sein. Diese Reinigungsverfahren sind zum Beispiel beschrieben in Bailey, J.E., & Ollis, D.F., Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986).

Die Identität und Reinheit der isolierten Verbindungen kann 30 durch Standardtechniken des Fachgebiets bestimmt werden. Dazu gehören Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (HPLC), spektroskopische Verfahren, Färbeverfahren, Dünnschichtchromatographie, insbesondere Dünnschichtchromatographie und Flammenionisationsdetektion (IATROSCAN, Iatron, Tokio, Japan), NIRS, Enzymtest oder 35 mikrobiologisch. Eine Übersicht über diese Analyseverfahren siehe in: Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140; Malakhova et al. (1996) Biotekhnologiya 11:27-32; und Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70. Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1996) Bd. A27, VCH: Weinheim, S. 89-90, 40 S. 521-540, S. 540-547, S. 559-566, 575-581 und S. 581-587; Michal, G (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A., et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17.

56**Äquivalente**

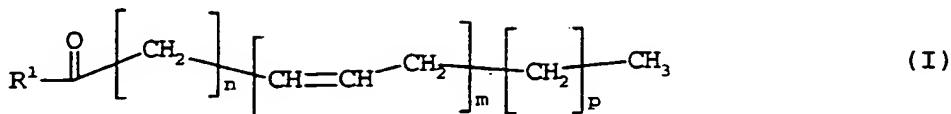
Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfundungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen 5 feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

10**15****20****25****30****35****40****45**

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen
 5 Formel I:

10



15

in transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren dadurch gekennzeichnet, dass das Verfahren folgende Schritte umfasst:

20

25

30

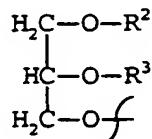
- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in eine Pflanze, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität codiert; sowie
- b) Einbringen mindestens einer zweiten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-6-Elongaseaktivität codiert; und
- c) gegebenenfalls Einbringen einer dritten Nukleinsäuresequenz, die für ein Polypeptid mit einer Δ-5-Desaturaseaktivität codiert; und
- d) anschließend kultivieren und ernten der Pflanzen; und

wobei die Variablen und Substituenten in der Formeln I folgende Bedeutung haben:

35

$R^1 = -OH$, Coenzym A-(Thioester), Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-, Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-, Glycoshingolipid- oder einen Rest der folgenden allgemeinen Formel II

40



(II)

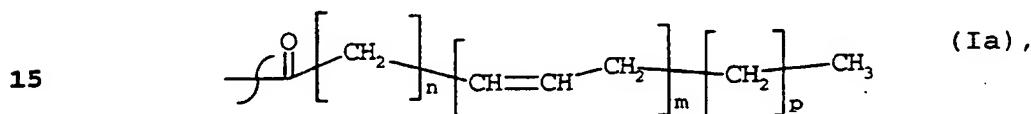
45

58

5 R^2 = H, Phosphatidylcholin-, Phosphatidylethanolamin-,
 Phosphatidylglycerol-, Diphosphatidylglycerol-, Phosphatidylserin-, Phosphatidylinositol-, Sphingolipid-,
 Glycoshingolipid-, Glycoshingolipid- oder gesättigtes
 oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-,

10 R^3 = H, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-,
 oder

15 R² und R³ unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen
 Formel Ia



n = 3, 4 oder 6, m = 3, 4 oder 5 und p = 0 oder 3.

20 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R² und R³ unabhängig voneinander C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonyl- bedeuten.

25 3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R² und R³ unabhängig voneinander C₁₆-, C₁₈-, C₂₀- oder C₂₂-Alkylcarbonyl- bedeuten.

30 4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R² und R³ unabhängig voneinander ungesättigtes C₁₆-, C₁₈-, C₂₀- oder C₂₂-Alkylcarbonyl- mit ein, zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen bedeuten.

35 5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze eine Ölfruchtpflanze ist.

40 6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Nachtkerze, Königsckerze, Distel, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Wildrosen, Kürbis, Pistazien, Sesam, Sonnenblume, Färberdistel, Borretsch, Mais, Mohn, Senf, Hanf, Rhizinus, Olive, Calendula, Punica, Ölpalme, Walnuss oder Kokosnuß ist.

59

7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der Formel I durch Pressen oder Extraktion aus den transgenen Pflanzen in Form ihrer Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren gewonnen werden.
- 5
8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass die gemäß Anspruch 7 gewonnenen Öle, Fette, Lipide oder freien Fettsäuren raffiniert werden.
- 10 9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass man die in den Verbindungen der Formel I enthaltenden gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren freigesetzt.
- 15 10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren über eine alkalische Hydrolyse oder eine enzymatische Abspaltung freigesetzt werden.
- 20 11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in den transgenen Pflanzen mit einem Gehalt von mindestens 5 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren enthalten sind.
- 25 12. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 11, dadurch gekennzeichnet, dass, die für die Polypeptide mit einer Δ-6-Desaturaseaktivität, Δ-6-Elongaseaktivität oder Δ-5-Desaturaseaktivität codierenden Nukleinsäuresequenzen, ausgewählt aus der Gruppe sind:
30
a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Sequenz,
- 35
b) Nukleinsäuresequenzen, die aufgrund des degenerierten genetischen Codes durch Rückübersetzung der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen erhalten werden,
40
45

60

c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29 oder SEQ ID NO: 31 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30 oder SEQ ID NO: 32 dargestellten Aminosäuresequenzen codieren und mindestens 50 % Homologie auf Aminosäureebene aufweisen, ohne daß die enzymatische Wirkung der Polypeptide wesentlich reduziert ist.

13. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 12, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 8 in einem Nukleinsäurekonstrukt mit einem oder mehreren Regulationssignalen verknüpft sind.

14. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 13, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP [= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylensasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n).

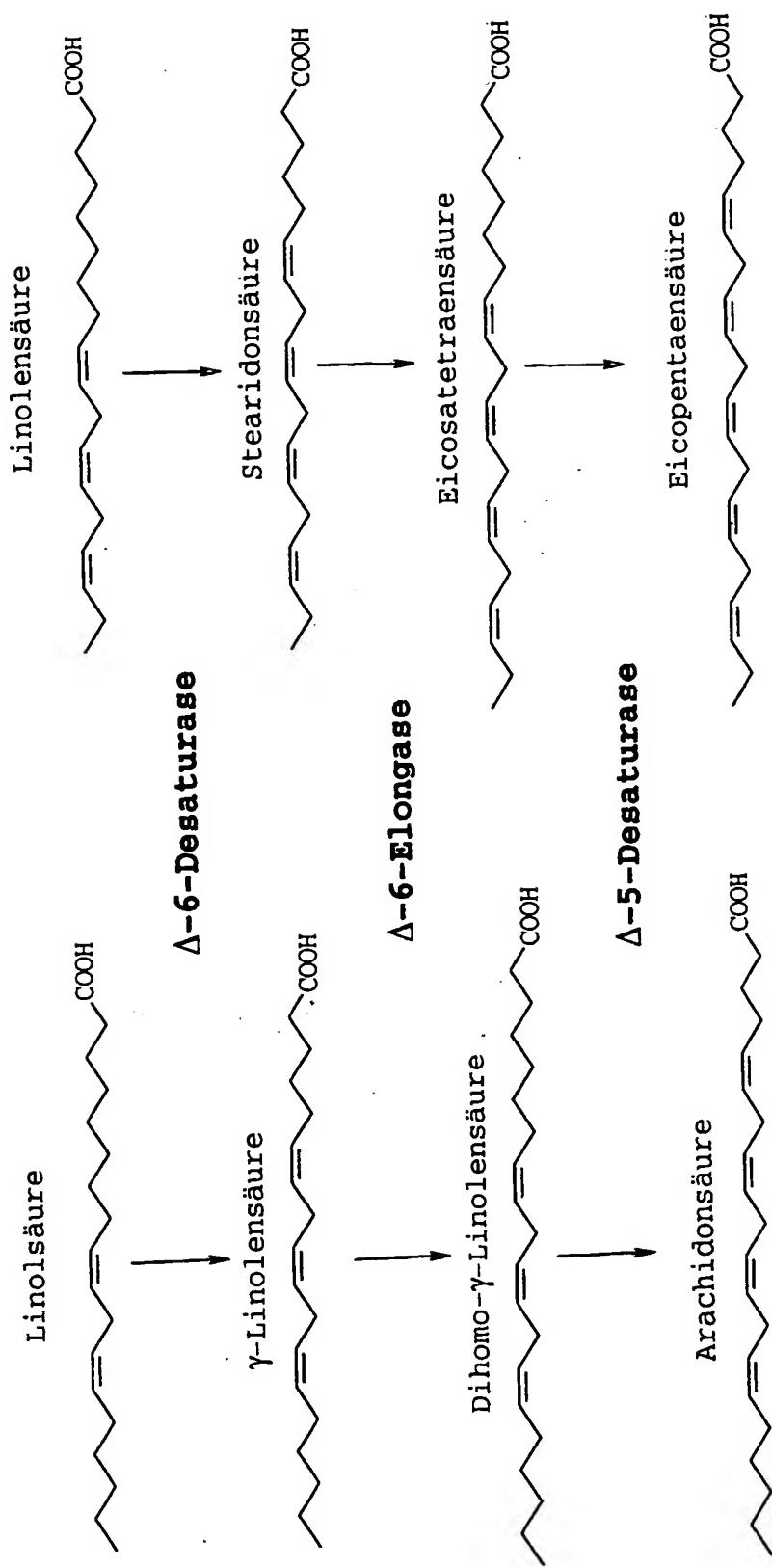
35

40

45

1/3

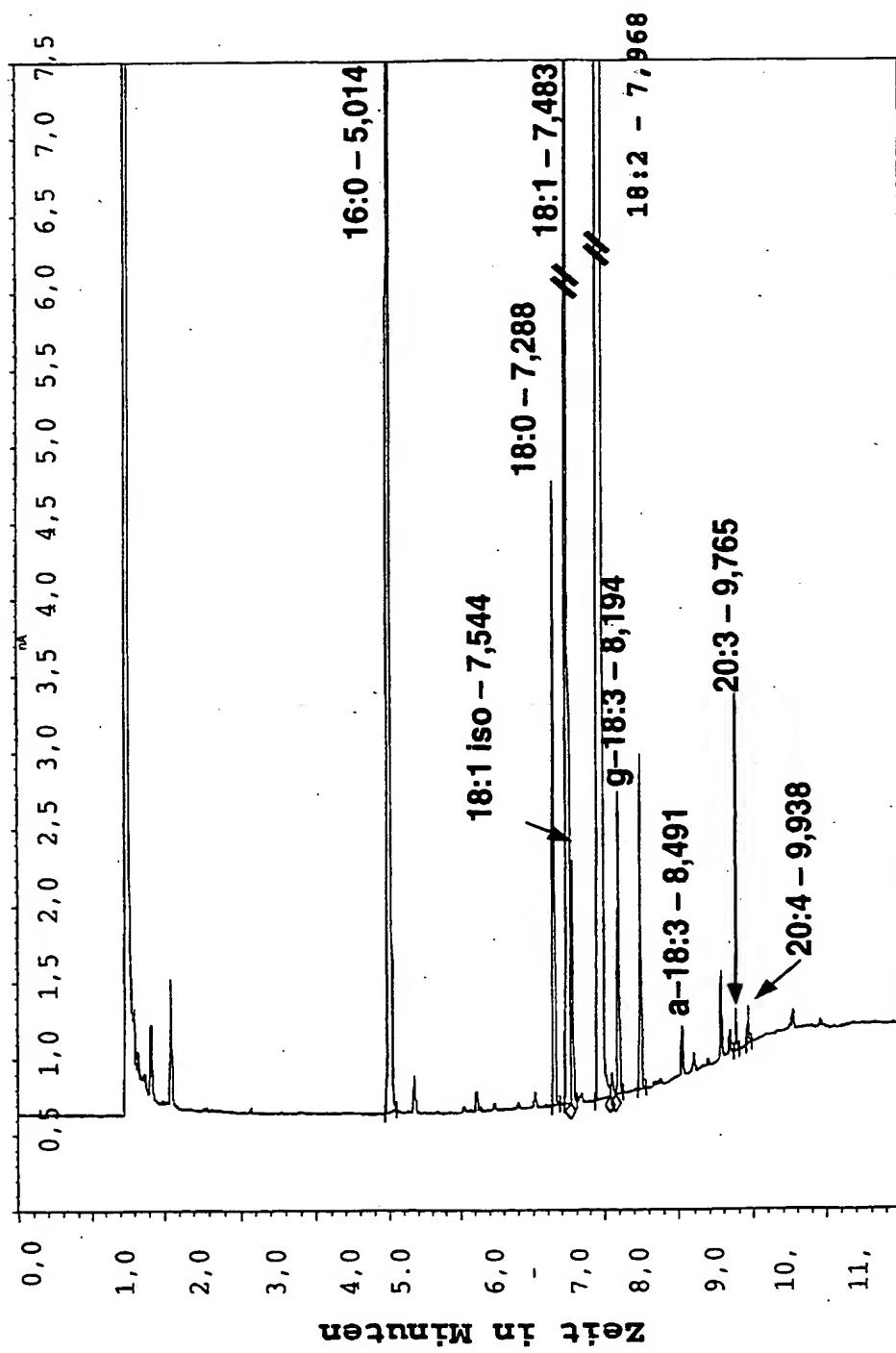
Figur 1: Biosynthesekette



THIS PAGE BLANK (USPTO)

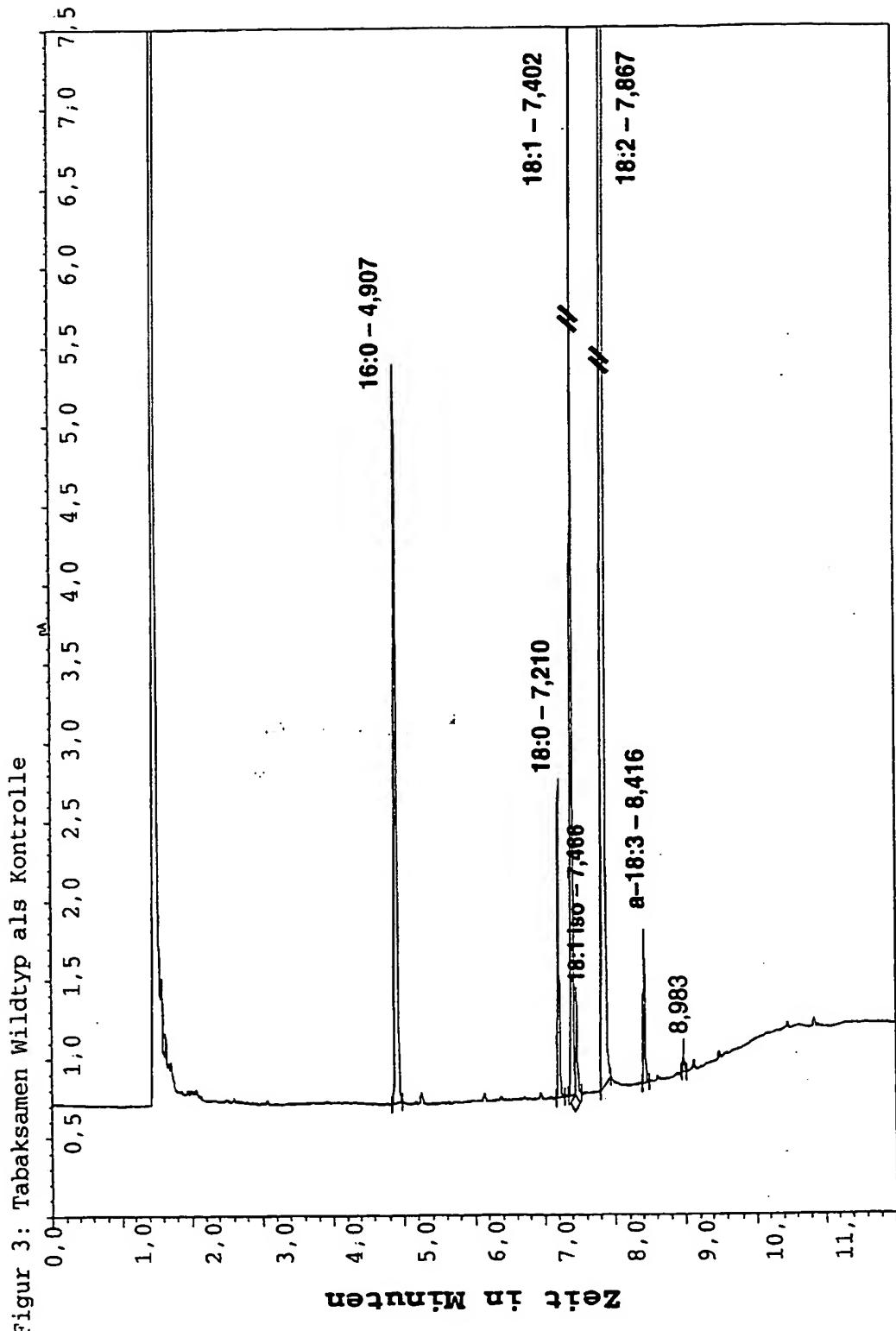
2/3

Figur 2: Fettsäureprofil von transgenen Tabaksamen



THIS PAGE BLANK (USC 1)

3 / 3



THIS PAGE BLANK (USC-1)

SEQUENZPROTOKOLL

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter
Fettsäuren in Pflanzen

<130> 2002/271

<140> 2002_271

<141> 2002-04-26

<160> 64

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1687

<212> DNA

<213> Borago officinalis

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 1

tatctgccta ccctcccaaa gagagtatc atttttcatc a atg gct gct caa atc 56
Met Ala Ala Gln Ile
1 5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga 104
Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly
10 15 20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg 152
Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp
25 30 35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt 200

Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu Lys Ser Leu Ala Gly
40 45 50 248

caa gag gta act gat gca ttt gtt gca ttc cat cct gcc tct aca tgg
Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His Pro Ala Ser Thr Trp
55 60 65 296

aag aat ctt gat aag ttt ttc act ggg tat tat ctt aaa gat tac tct
Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr Leu Lys Asp Tyr Ser
70 75 80 85 344

gtt tct gag gtt tct aaa gat tat agg aag ctt gtg ttt gag ttt tct
Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu Val Phe Glu Phe Ser
90 95 100 392

aaa atg ggt ttg tat gac aaa aaa ggt cat att atg ttt gca act ttg
Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile Met Phe Ala Thr Leu
105 110 115 440

tgc ttt ata gca atg ctg ttt gct atg agt gtt tat ggg gtt ttg ttt
Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val Tyr Gly Val Leu Phe
120 125 130

tgt gag ggt ttg gta cat ttg ttt tct ggg tgt ttg atg ggg ttg
Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly Cys Leu Met Gly Phe
135 140 145 488

ctt tgg att cag agt ggt tgg att gga cat gat gct ggg cat tat atg
Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp Ala Gly His Tyr Met
150 155 160 165 536

gta gtg tct gat tca agg ctt aat aag ttt atg ggt att ttt gct gca
Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met Gly Ile Phe Ala Ala
170 175 180 584

aat tgt ctt tca gga ata agt att ggt tgg tgg aaa tgg aac cat aat
Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn
185 190 195 632

gca cat cac att gcc tgt aat agc ctt gaa tat gac cct gat tta caa 680

Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln
200 205 210

tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc 728
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr
215 220 225

tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc 776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe
230 235 240 245

ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct 824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala
250 255 260

agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga 872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg
265 270 275

aat gtg tcc tat cga gct cat gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg 920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser
280 285 290

att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga 968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg
295 300 305

att atg ttt gtt att gca agt ttg tca gtg act gga atg caa caa gtt 1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val
310 315 320 325

cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct 1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro
330 335 340

aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att 1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile
345 350 355

tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa 1160

Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln
360 365 370

att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa 1208
Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys
375 380 385

atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac 1256
Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr
390 395 400 405

aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg 1304
Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu
410 415 420

agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag 1352
Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys
425 430 435

aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt 1398
Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
440 445

agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgtt gtgtcttgc ttggttctac 1458

ttgttggagt cattgcaact tgtctttat ggtttattag atgttttta atatattta 1518

gaggtttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcatttgtt caattgttgt 1578

gctcaatatac tgatatttg gaatgtactt tgtaccactg tgtttcagt tgaagctcat 1638

gtgtacttct atagactttg tttaaatggt tataaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 1687

<210> 2
<211> 448
<212> PRT
<213> Borago officinalis

<400> 2

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn
1 5 10 15

His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr
20 25 30

Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu
35 40 45

Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His
50 55 60

Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr
65 70 75 80

Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu
85 90 95

Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile
100 105 110

Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val
115 120 125

Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly
130 135 140

Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp
145 150 155 160

Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met
165 170 175

Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp
180 185 190

Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr
195 200 205

Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe

210 215 220

Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp
225 230 235 240

Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro
245 250 255

Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met
260 265 270

Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala His Glu Leu Leu Gly
275 280 285

Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro
290 295 300

Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr
305 310 315 320

Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val
325 330 335

Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp
340 345 350

Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly
355 360 365

Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg
370 375 380

Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys
385 390 395 400

His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met
405 410 415

Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr
420 425 430

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
435 440 445

<210> 3
<211> 1192
<212> DNA
<213> Physcomitrella patens

<220>
<221> CDS
<222> (58) .. (930)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 3
ctgcttcgtc tcatcttggg ggtgtgattc gggagtggtt tgagttgggt gagcgca 57

atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 105
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15

cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 153
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30

acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 201
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45

gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 249
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg 297
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt 345
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser

85

90

95

ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac 393
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att 441
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc 489
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac 537
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat 585
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga 633
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga 681
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg 729
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac 777
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att 825
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile

245 250 255

ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac 873
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr

260 265 270

gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa 921
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

act gag tga gctgtatcaa gccatagaaa ctctattatg ttagaacctg 970
Thr Glu
290

aagttggtgc tttcttatct ccacttatct tttaaggcagc atcagtttg aaatgatgtg 1030

tggcggttgt ctgcaagtag tcataatat aatcggcctg agcacttcag atggattgtt 1090

agaacatgag taaaagcggt tattacggtg ttatattgt accaaatcac cgcacgggtg 1150

aattgaaata tttcagattt gatcaatttc atctgaaaaaa aa 1192

<210> 4

<211> 290

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 4

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu

290

<210> 5

<211> 1054

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (43)..(858)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 5

gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54
Met Met Glu Pro
1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102
Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser
5 10 15 20

tcg gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gac gcc aag gac agc ttc 150
Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe
25 30 35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198
Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser
40 45 50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246
Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn
55 60 65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294
Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu

70	75	80	
tgc ctc ttc tcg ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc 342			
Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile			
85	90	95	100
cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc 390			
Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu			
105	110	115	
aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag 438			
Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys			
120	125	130	
atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag 486			
Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys			
135	140	145	
ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac 534			
Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr			
150	155	160	
gcc atc gac cac atc ttt ctc tcg tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc 582			
Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val			
165	170	175	180
aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc 630			
Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe			
185	190	195	
ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc 678			
Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe			
200	205	210	
att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc 726			
Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys			
215	220	225	
gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt 774			
Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu			

13

230	235	240	
ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag 822			
Phe	Val	Val	Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln
245	250	255	260
tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaaca 868			
Tyr	Val	Leu	Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
265	270		
gtagaccaggc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat 928			
catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaaa 988			
aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1048			
ctcgag			1054

<210> 6
<211> 271
<212> PRT
<213> Thraustochytrium

<400> 6
Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala
1 5 10 15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala
20 25 30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu
35 40 45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr
50 55 60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His
65 70 75 80

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
85 90 95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
100 105 110

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
115 120 125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
130 135 140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
145 150 155 160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
165 170 175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
180 185 190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
195 200 205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
210 215 220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
225 230 235 240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
245 250 255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
260 265 270

<210> 7

<211> 2040

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (176)..(1627)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 7

ctcaggcagg tctcagttga tgagacgctg agttctgaat ccttgagct gtgtcaggct 60

cggcacttgt gggatggtga aggagtgatc gatcaggagt gcaggagctg cattagttc 120

tcagggtcga tcaggttatt ctgaaaaagg ctgcgtctgt gagcagtttgc aaaaa atg 178

Met

1

gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc aag 226
Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser Lys

5

10

15

tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act ttg 274
Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr Leu

20

25

30

aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag aca 322
Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln Thr
35 40 45

ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct ctg 370
Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser Leu
50 55 60 65

gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc gtc 418
Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile Val
70 75 80

aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct gga 466
Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro Gly
85 90 95

ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cg^g gat ggc aca gac gtt ttc 514
Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe
100 105 110

gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac tac 562
Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr Tyr
115 120 125

att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa gac 610
Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys Asp
130 135 140 145

tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag agt 658
Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys Ser
150 155 160

tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc ttt 706
Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu Phe
165 170 175

gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct att 754
Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala Ile
180 185 190

gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga tgg 802
Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly Trp
195 200 205

ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc gcg 850
Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr Ala
210 215 220 225

aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt agt 898
Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe Ser
230 235 240

gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg aat 946
Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro Asn
245 250 255

gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act ctc			994
Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu			
260	265	270	
ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt gag agc aag			1042
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys			
275	280	285	
aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att ctg cct cta			1090
Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro Leu			
290	295	300	305
ttg ttc atg gcc cggt tac agt tgg act ttt gga agt ttg ctc ttc aca			1138
Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe Thr			
310	315	320	
ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag aag gga aca			1186
Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly Thr			
325	330	335	
gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc cat att ttg			1234
Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile Leu			
340	345	350	
ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act gag ctt gtg			1282
Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu Val			
355	360	365	
gcc ggt ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac aat gga aag			1330
Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly Lys			
370	375	380	385
gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag gtt att acc			1378
Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile Thr			
390	395	400	
acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc act ggg gga			1426
Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly			
405	410	415	

ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg ccc agg cac 1474
Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His
420 425 430

aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc aag aag cac 1522
Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys His
435 440 445

ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct gtc gcg gtt 1570
Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala Val
450 455 460 465

gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att cgg ctt cac 1618
Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu His
470 475 480

gct cac taa gaaatcgctcg aactttgact attcattttt ttgcgcctggc 1667
Ala His

tacctcaaat gttcgggagc aggtgcttgg cagtgtgttc aaccggagcgc cactgaaaat 1727

gtgcagaatc catttccaga aattaccatt cctagctaaa tcttctttt accaggtcgg 1787

atatatgaaa ctttttgat gcaacaagta gcattcaatt gaagacattt ttcgagatat 1847

aattcgcagt gtttcttattc agcgggcata cgtacttagtc catatcgccg gttgccgaga 1907

gtttacatta ttagttggca caacgagtag atctagtgtta aatttctatt tccgcatgtat 1967

atattactct gaatatatac cgtttatctat tttcctaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2027

aaaaaaaaaaa aaa 2040

<210> 8

<211> 483

<212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 8

Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
1 5 10 15

Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
20 25 30

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
35 40 45

Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
50 55 60

Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
85 90 95

Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
100 105 110

Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
115 120 125

Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
130 135 140

Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
145 150 155 160

Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
165 170 175

Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
180 185 190

Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
195 200 205

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr

20

210

215

220

Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe
225 230 235 240

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
245 250 255

Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr
260 265 270

Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser
275 280 285

Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro
290 295 300

Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly
325 330 335

Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile
340 345 350

Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu
355 360 365

Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly
370 375 380

Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile
385 390 395 400

Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly
405 410 415

Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg
420 425 430

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala
450 455 460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu
465 470 475 480

His Ala His

<210> 9

<211> 1467

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (10)..(1461)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 9

ggatccaaa atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca 51
Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr
1 5 10

tgg agc aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg 99
Trp Ser Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly
15 20 25 30

cct act ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg 147
Pro Thr Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala
35 40 45

gga cag aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act 195
Gly Gln Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr
50 55 60

tac tct ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg 243
 Tyr Ser Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp
 65 70 75

atg atc gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac 291
 Met Ile Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp
 80 85 90

cac cct gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cggt gat ggc aca 339
 His Pro Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr
 95 100 105 110

gac gtt ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat 387
 Asp Val Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn
 115 120 125

gac tac tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg 435
 Asp Tyr Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu
 130 135 140

ctt aaa gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt 483
 Leu Lys Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu
 145 150 155

ttc aag agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca 531
 Phe Lys Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala
 160 165 170

gct ctc ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac 579
 Ala Leu Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr
 175 180 185 190

tgg gct att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag 627
 Trp Ala Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln
 195 200 205

tgt gga tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac 675
 Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn
 210 215 220

cgt acc gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt			723
Arg Thr Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu			
225	230	235	
ggc ttt agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act			771
Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr			
240	245	250	
gct ccg aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att			819
Ala Pro Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile			
255	260	265	270
gat act ctc ccc atc att gcc tgg agc aag gaa att ttg gcc acc gtt			867
Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val			
275	280	285	
gag agc aag aga att ttg cga gtg ctt caa tat cag cac tac atg att			915
Glu Ser Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile			
290	295	300	
ctg cct cta ttg ttc atg gcc cggt tac agt tgg act ttt gga agt ttg			963
Leu Pro Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu			
305	310	315	
ctc ttc aca ttc aat cct gat ttg agc acg acc aag gga ttg ata gag			1011
Leu Phe Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu			
320	325	330	
aag gga aca gtt gct ttt cac tac gcc tgg ttc agt tgg gct gcg ttc			1059
Lys Gly Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe			
335	340	345	350
cat att ttg ccg ggt gtc gct aag cct ctt gcg tgg atg gta gca act			1107
His Ile Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr			
355	360	365	
gag ctt gtg gcc ggt ttg ttg gga ttc gtg ttt acg ttg agt cac			1155
Glu Leu Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His			
370	375	380	

aat gga aag gag gtt tac aat gaa tcg aag gac ttc gtg aga gcc cag 1203
 Asn Gly Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln
 385 390 395

gtt att acc acc cgt aac acc aag cga ggc tgg ttc aac gat tgg ttc 1251
 Val Ile Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe
 400 405 410

act ggg gga ctc gac acc cag att gag cat cac ctg ttt cca aca atg 1299
 Thr Gly Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met
 415 420 425 430

ccc agg cac aac tac ccc aag atc gca cct cag gtc gag gct ctt tgc 1347
 Pro Arg His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys
 435 440 445

aag aag cac ggc ctc gag tac gat aat gtc tcc gtc gtt ggt gcc tct 1395
 Lys Lys His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser
 450 455 460

gtc gcg gtt gtg aag gcg ctc aag gaa att gct gat gaa gcg tca att 1443
 Val Ala Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile
 465 470 475

cgg ctt cac gct cac taa gtcgac 1467
 Arg Leu His Ala His
 480

<210> 10
<211> 483
<212> PRT
<213> Ceratodon purpureus

<400> 10
Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
1 5 10 15

Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
20 25 30

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
35 40 45

Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
50 55 60

Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
65 70 75 80

Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
85 90 95

Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
100 105 110

Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
115 120 125

Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
130 135 140

Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
145 150 155 160

Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
165 170 175

Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
180 185 190

Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
195 200 205

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr
210 215 220

Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe
225 230 235 240

Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
245 250 255

Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr
260 265 270

Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser
275 280 285

Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro
290 295 300

Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly
325 330 335

Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile
340 345 350

Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu
355 360 365

Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly
370 375 380

Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile
385 390 395 400

Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly
405 410 415

Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg
420 425 430

His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
435 440 445

His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala

450

455

460

Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu
465 470 475 480

His Ala His

<210> 11

<211> 2160

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>.

<221> CDS

<222> (159)..(1721)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 11

cggaggtctc ttgtcggtt tggagtctgt gtcgagcttg gaatgcggta ggcgccggccg 60

tttcggtt ttggcggtt cattgcgcga gggcggacag tgggagtgcg ggaggcttgt 120

ttgtgcgtt gtaatcttcg ccggcaga atg gtg tcc cag ggc ggc 176

Met Val Ser Gln Gly Gly

1

5

ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac att gac gtt gag cac ttg 224

Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Leu

10

15

20

gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta aat gtc ctg gga acg act 272

Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu Asn Val Leu Gly Thr Thr

25

30

35

ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc gct ttc aag agg ctc acg 320

Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe Ala Phe Lys Arg Leu Thr

40

45

50

act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg gag gca caa aaa gaa tcg 368

Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val Glu Ala Gln Lys Glu Ser
55 60 65 70

gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct caa tcg gtt gcg cag ccc 416
Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser Gln Ser Val Ala Gln Pro
75 80 85

atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag ccg gtt act tac agc ctg 464
Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys Pro Val Thr Tyr Ser Leu
90 95 100

aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag gac tgc tgg att ata atc 512
Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln Asp Cys Trp Ile Ile Ile
105 110 115

aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc gct gag cag cac cct gga 560
Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe Ala Glu Gln His Pro Gly
120 125 130

ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga gac gcc aca gat gtt ttc 608
Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe
135 140 145 150

tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag att ctt cag aat ttc tac 656
Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys Ile Leu Gln Asn Phe Tyr
155 160 165

atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act ttg gag ctg ctg aag gag 704
Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr Leu Glu Leu Lys Glu
170 175 180

tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga gaa cag ctt ttc aag agt 752
Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser
185 190 195

tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc ata aat gtt tcc att gtt 800
Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu Ile Asn Val Ser Ile Val
200 205 210

gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac aag tct tac cg^g gtt 848

Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr Lys Ser Tyr Arg Ala Val			
215	220	225	230
ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt att caa cag tgc gga tgg	896		
Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Ile Gln Gln Cys Gly Trp			
235	240	245	
ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta ttt gag aca cgc tgg ctc	944		
Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu			
250	255	260	
aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac gtt gtt ctg gga ttc agt	992		
Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn Val Val Leu Gly Phe Ser			
265	270	275	
gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg cat cat gct gct ccg aat	1040		
Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn			
280	285	290	
gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat gag gat att gat act ctc	1088		
Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu			
295	300	305	310
ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg gcc act gtt gag agc aag	1136		
Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu Ala Thr Val Glu Ser Lys			
315	320	325	
acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac cta ttc ttt ttg gtt ctt	1184		
Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Leu Val Leu			
330	335	340	
ttg acg ttt gcc cg ^g agt tgg cta ttt tgg agc gcg gcc ttc act	1232		
Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe Trp Ser Ala Ala Phe Thr			
345	350	355	
ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag ctt ttg gag agg gga acg	1280		
Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys Leu Leu Glu Arg Gly Thr			
360	365	370	
atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt gtt gcg ttt tat ctg ctc	1328		

Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser Val Ala Phe Tyr Leu Leu
375 380 385 390

ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg gtc agc gag ctc atg tct 1376
Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val Val Ser Glu Leu Met Ser
395 400 405

ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc agt cac aat gga atg gag 1424
Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu
410 415 420

gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat gcc cag att gca tcg act 1472
Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn Ala Gln Ile Ala Ser Thr
425 430 435

cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat tgg ttc acc gga ggt ctc 1520
Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu
440 445 450

aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca acg atg ccc agg cac aac 1568
Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn
455 460 465 470

ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act ttg tgc aag aag cat gga 1616
Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr Leu Cys Lys Lys His Gly
475 480 485

ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg ggc act tac cgg gtt ttg 1664
Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser Gly Thr Tyr Arg Val Leu
490 495 500

aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct tca cac cag cag ctt gct 1712
Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala Ser His Gln Gln Leu Ala
505 510 515

gcg agt tga ggcatcgca gactcgatcg aacatttttg tctgttatag 1761
Ala Ser
520

tgttcatatg tgatcgaggg gaaaagggtcc catgctctga tctatttttc tgttagccaat 1821

attttcaat tgaaaggagg ttcctcactt atcttccatc tatcggtgca catcctgcac 1881
cagagtttagc gttggagtaa tgtaagcac ttgttagatta tgcccaccat tgccacat 1941
ctgttcgggtt acaatcggtt gattccatgc tatecctccgt gttcatctcg ttgttataag 2001
caagcttgaa aaaacatgct acgagattgg cagacgttgt cttggcagct gtagagggtt 2061
gttccattca ttgttagta cagaactctc tcgtccctgt ttctctacat tacttggta 2121
atagtgactt tcattcacag caaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 2160

<210> 12
<211> 520
<212> PRT
<213> Ceratodon purpureus

<400> 12
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
325 330 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
515 520

<210> 13

<211> 1434

<212> DNA

<213> Phaeodactylum tricornutum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1434)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 13

atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct 48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
1 5 10 15

cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac 96
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
20 25 30

gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac 144
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
35 40 45

gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg 192
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
50 55 60

acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg 240
Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
65 70 75 80

aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag 288
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
85 90 95

ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa 336
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
100 105 110

ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac 384

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
 115 120 125

aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gac tgt gct ctc gtc 432
 Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
 130 135 140

ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg 480
 Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
 145 150 155 160

gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac 528
 Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175

cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt 576
 His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
 180 185 190

tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag 624
 Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
 195 200 205

cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc 672
 His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
 210 215 220

gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg 720
 Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
 225 230 235 240

tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag 768
 Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
 245 250 255

gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac 816
 Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
 260 265 270

ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc 864

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
 275 280 285

aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac aac gct gct ctc gaa 912
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 290 295 300

ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc 960
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320

ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc 1008
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335

tcc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc 1056
 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
 340 345 350

tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg 1104
 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
 355 360 365

gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc 1152
 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
 370 375 380

acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt 1200
 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
 385 390 395 400

gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta 1248
 Val Asp Trp Phe Cys Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
 405 410 415

tcc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc 1296
 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
 420 425 430

gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt 1344

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
435 440 445

gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc 1392
Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
450 455 460

gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa 1434
Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465 470 475

<210> 14

<211> 477

<212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 14

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
1 5 10 15

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
20 25 30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
35 40 45

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
50 55 60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
65 70 75 80

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
85 90 95

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
100 105 110

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr

115	120	125
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val		
130	135	140
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu		
145	150	155
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His		
165	170	175
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe		
180	185	190
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys		
195	200	205
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val		
210	215	220
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp		
225	230	235
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys		
245	250	255
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr		
260	265	270
Phe Pro Ile Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe		
275	280	285
Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu		
290	295	300
Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile		
305	310	315
Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg		
325	330	335

Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
340 345 350

Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
355 360 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
370 375 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
385 390 395 400

Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
405 410 415

Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
420 425 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
435 440 445

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
450 455 460

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
465 470 475

<210> 15

<211> 1563

<212> DNA

<213> Ceratodon purpureus

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1563)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 15

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac 48
Met Val Ser Gln Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1 5 10 15

att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta 96
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
20 25 30

aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc 144
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
35 40 45

gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg 192
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
50 55 60

gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct 240
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65 70 75 80

caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag 288
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
85 90 95

ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag 336
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
100 105 110

gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc 384
Asp Cys Trp Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga 432
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag 480
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act 528
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga 576
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc 624
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac 672
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt 720
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta 768
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac 816
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg 864
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat 912
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg 960
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac			1008
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His			
325	330	335	
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cg ^g g ^c agt tgg cta ttt			1056
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe			
340	345	350	
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag			1104
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys			
355	360	365	
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt			1152
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser			
370	375	380	
gtt gc ^g ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gt ^g			1200
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val			
385	390	395	400
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc			1248
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu			
405	410	415	
agt cac aat gga atg gag gt ^g tac aat acg tca aag gac ttc gt ^g aat			1296
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn			
420	425	430	
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gt ^g ttt aat gat			1344
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp			
435	440	445	
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca			1392
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro			
450	455	460	
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gt ^g gag act			1440
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr			
465	470	475	480

ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg 1488
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
485 490 495

ggc act tac cgg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct 1536
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
500 505 510

tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga 1563
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
515 520

<210> 16
<211> 520
<212> PRT
<213> Ceratodon purpureus

<400> 16
Met Val Ser Gln Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His

45

325

330

335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
515 520

<211> 1578

<212> DNA

<213> *Physcomitrella patens*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1578)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 17

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac 48
Met Val Phe Ala Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1 5 10 15

atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc 96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
20 25 30

agt tat gtg tct tca act gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa 144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
35 40 45

cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc 192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
50 55 60

gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga 240
Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg 288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
85 90 95

tca tct cag tgg aag aag tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta 336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat 384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115	120	125	
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt 432 Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser			
130	135	140	
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca 480 Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala			
145	150	155	160
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag 528 Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu			
165	170	175	
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga 576 Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg			
180	185	190	
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat 624 Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr			
195	200	205	
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca 672 Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala			
210	215	220	
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt 720 Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys			
225	230	235	240
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt 768 Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe			
245	250	255	
ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg 816 Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly			
260	265	270	
tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag 864 Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys			

275	280	285	
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act 912 Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr			
290	295	300	
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg 960 Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp			
305	310	315	320
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc 1008 Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile			
325	330	335	
ctc caa tac cag cat ctg ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt 1056 Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg			
340	345	350	
ggt agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc 1104 Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu			
355	360	365	
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac 1152 Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr			
370	375	380	
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca 1200 Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro			
385	390	395	400
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc 1248 Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly			
405	410	415	
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct 1296 Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser			
420	425	430	
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga 1344 Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly			

435

440

445

aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag 1392
 Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu

450

455

460

cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca 1440
 His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
 465 470 475 480

cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac 1488
 Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
 485 490 495

gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa 1536
 Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
 500 505 510

gtc gcg gag gct gca gag cag cat gct acc acc agt taa 1578
 Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 515 520 525

<210> 18

<211> 525

<212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 18

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
 20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
 35 40 45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
 50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp

52

485

490

495

val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
515 520 525

<210> 19
<211> 837
<212> DNA
<213> Phytophthora infestans

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 19
atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg 48
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
1 5 10 15

gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg 96
Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
20 25 30

cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc 144
His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
35 40 45

atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg 192
Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
50 55 60

aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac 240
Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
65 70 75 80

aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc		288
Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala		
85	90	95
atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt		336
Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe		
100	105	110
aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc		384
Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu		
115	120	125
tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag		432
Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys		
130	135	140
aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg		480
Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val		
145	150	155
160		
ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca		528
Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser		
165	170	175
tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act		576
Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr		
180	185	190
tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac		624
Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr		
195	200	205
ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc		672
Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly		
210	215	220
tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg		720
Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro		
225	230	235
240		

ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat 768
Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
245 250 255

ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag 816
Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
260 265 270

gaa tcg aag aag aag ttg taa 837
Glu Ser Lys Lys Lys Leu
275

<210> 20
<211> 278
<212> PRT
<213> Phytophthora infestans

<400> 20
Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
1 5 10 15

Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
20 25 30

His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
35 40 45

Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
50 55 60

Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
65 70 75 80

Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
85 90 95

Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
100 105 110

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
115 120 125

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
130 135 140

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
145 150 155 160

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
165 170 175

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
180 185 190

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
195 200 205

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
210 215 220

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
225 230 235 240

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
245 250 255

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
260 265 270

Glu Ser Lys Lys Lys Leu
275

<210> 21

<211> 1410

<212> DNA

<213> Phaeodactylum tricornutum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1410)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 21

atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1 5 10 15

gcg aag cac aat gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96
 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
 20 25 30

ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144
 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
 35 40 45

gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192
 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
 50 55 60

ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240
 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80

acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288
 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
 85 90 95

ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336
 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
 100 105 110

cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384
 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
 115 120 125

gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg 432
 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
 130 135 140

cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc 480
Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu .Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc 528
Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc 576
Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa 624
Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat 672
His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat 720
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg 768
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att 816
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac 864
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cggt gct 912
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc 960
 Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
 305 310 315 320

ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg 1008
 Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
 325 330 335

gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc 1056
 Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
 340 345 350

gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa 1104
 Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
 355 360 365

cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt 1152
 Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
 370 375 380

gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa 1200
 Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
 385 390 395 400

cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc 1248
 His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
 405 410 415

ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac 1296
 Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
 420 425 430

tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac 1344
 Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
 435 440 445

gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc 1392
 Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
 450 455 460

ttg acc gga cgg gcg taa
Leu Thr Gly Arg Ala
465 470

1410

<210> 22
<211> 469
<212> PRT
<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 22
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala

60

145

150

155

160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
325 330 335

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
355 360 365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala
465

<210> 23

<211> 1344

<212> DNA

<213> Caenorhabditis elegans

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1344)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 23

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1 5 10 15

gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly

20

25

30

ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc 144
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe

35

40

45

cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa 192
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
50 55 60

ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag 240
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65 70 75 80

gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat 288
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
85 90 95

att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta 336
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
100 105 110

cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc 384
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
115 120 125

tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc 432
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
130 135 140

tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga 480
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145 150 155 160

gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat 528
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
165 170 175

cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt 576
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val

180	185	190	
gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac 624			
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
195	200	205	
aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt 672			
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
210	215	220	
gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat 720			
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
225	230	235	240
tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat 768			
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
245	250	255	
tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca 816			
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
260	265	270	
atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga 864			
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
275	280	285	
aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg 912			
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
290	295	300	
tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg 960			
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
305	310	315	320
ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta 1008			
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
325	330	335	
gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac 1056			
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			

340

345

350

atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg 1104
 Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
 355 360 365

aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag 1152
 Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
 370 375 380

att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act 1200
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
 385 390 395 400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac 1248
 Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
 405 410 415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc 1296
 Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
 420 425 430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag 1344
 Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
 435 440 445

<210> 24

<211> 447

<212> PRT

<213> Caenorhabditis elegans

<400> 24

Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
 1 5 10 15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
 20 25 30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe

35

40

45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
50 55 60

Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65 70 75 80

Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
85 90 95

Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
100 105 110

Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
115 120 125

Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
130 135 140

Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145 150 155 160

Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
165 170 175

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
435 440 445

<210> 25

<211> 954

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(954)

<223> Delta-6-Elongase

<400> 25

atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc 48
Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1 5 10 15

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc 96
Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
20 25 30

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct 144
Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
35 40 45

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc 192
Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
50 55 60

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag 240
Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65 70 75 80

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc 288
Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
85 90 95

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc 336
Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
100 105 110

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag 384
Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
115 120 125

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag 432
Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130 135 140

ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc 480
Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145 150 155 160

ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag 528
Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg 576
Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt 624
Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag 672
Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc 720
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt 768
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc 816
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
260 265 270

ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag 864
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc 912
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
290 295 300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa 954
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 26

<211> 317

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 26

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1 5 10 15

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
20 25 30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
35 40 45

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
50 55 60

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65 70 75 80

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
85 90 95

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
100 105 110

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
115 120 125

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130 135 140

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 27

<211> 1320

<212> DNA

<213> Thraustochytrium

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1320)

<223> Delta-5-Desaturase

<400> 27

atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc 48
 Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
 1 5 10 15

gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg 96
 Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
 20 25 30

tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc 144
 Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
 35 40 45

ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag 192
 Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
 50 55 60

ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg 240
 Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
 65 70 75 80

aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg ccg ttc tcg gcc aaa gag cag 288
 Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
 85 90 95

gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag 336
 Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
 100 105 110

ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac 384
 Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
 115 120 125

cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg		432
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met		
130	135	140
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc		480
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly		
145	150	155
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg		528
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly		
165	170	175
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cggttgc gag ttc ttc		576
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe		
180	185	190
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac		624
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His		
195	200	205
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc		672
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu		
210	215	220
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc		720
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val		
225	230	235
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc		768
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu		
245	250	255
ttt gcg ccc gtc tcg ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac		816
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr		
260	265	270
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc		864
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val		
275	280	285

tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc	912		
Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu			
290	295	300	
ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc	960		
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly			
305	310	315	320
ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac	1008		
Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His			
325	330	335	
ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg	1056		
Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala			
340	345	350	
gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg	1104		
Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp			
355	360	365	
tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg	1152		
Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr			
370	375	380	
gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc	1200		
Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu			
385	390	395	400
ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg	1248		
Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala			
405	410	415	
gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc	1296		
Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly			
420	425	430	
gcc gac acc aag aag cag gac tga	1320		
Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp			
435	440		

<210> 28
<211> 439
<212> PRT
<213> Thraustochytrium

<400> 28

Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
1 5 10 15

Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
20 25 30

Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
35 40 45

Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
50 55 60

Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
65 70 75 80

Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
85 90 95

Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
100 105 110

Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
115 120 125

Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
130 135 140

Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
145 150 155 160

Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
165 170 175

Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
180 185 190

Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
195 200 205

Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
210 215 220

Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
225 230 235 240

Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
245 250 255

Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
260 265 270

Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
275 280 285

Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
290 295 300

Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
305 310 315 320

Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
325 330 335

Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
340 345 350

Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
355 360 365

Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
370 375 380

Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu

76

385 390 395 400

Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
405 410 415Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
420 425 430Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
435<210> 29
<211> 957
<212> DNA
<213> Mortierella alpina<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<223> Delta-6-Elongase<400> 29
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg 48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cg^g gcc g^c ccc tat gtc 96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20 25 30gat cct ctc gag gcc g^c g^c ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc 144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35 40 45acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc g^c g^c gtg gag tcg cct 192
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
50 55 60

ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc 240

Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
 65 70 75 80

gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag 288
 Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
 85 90 95

aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt 336
 Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
 100 105 110

tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag 384
 Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
 115 120 125

gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc 432
 Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
 130 135 140

ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc 480
 Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
 145 150 155 160

aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac 528
 Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
 165 170 175

aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc 576
 Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
 180 185 190

acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac 624
 Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
 195 200 205

ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac 672
 Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
 210 215 220

tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc 720

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225 230 235 240

tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag 768
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245 250 255

tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac 816
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc 864
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275 280 285

ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag 912
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa 957
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 30
<211> 318
<212> PRT
<213> Mortierella alpina

<400> 30
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15

Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20 25 30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35 40 45

Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro

50 55 60
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65 70 75 80
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
85 90 95
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
100 105 110
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
115 120 125
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
130 135 140
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145 150 155 160
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
165 170 175
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
180 185 190
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
195 200 205
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
210 215 220
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225 230 235 240
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245 250 255
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 31

<211> 1374

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<223> Delta-6-Desaturase

<400> 31

atg gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg 48
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu
1 5 10 15

aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc 96
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
20 25 30

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtt cgc gag ttc gtc cct 144
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
35 40 45

gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc 192
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
50 55 60

act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt 240
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu

81

65	70	75	80
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag			288
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys			
85	90	95	
aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag			336
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln			
100	105	110	
tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc			384
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val			
115	120	125	
tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag			432
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys			
130	135	140	
tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg			480
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu			
145	150	155	160
ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat			528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His			
165	170	175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc			576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe			
180	185	190	
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg aag gac aag			624
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys			
195	200	205	
cac aac act cac cac gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac			672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp			
210	215	220	
att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg			720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met			

82

225	230	235	240
ttc tcg gat gtc cca gat gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgt ttc	768		
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe			
245	250	255	
atg gtc ctg aac cag acc tgg ttt tac ttc ccc att ctc tcg ttt gcc	816		
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala			
260	265	270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc att ctc ttt gtg ctg cct aac ggt	864		
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly			
275	280	285	
cag gcc cac aag ccc tcg ggc gcg cgt gtg ccc atc tcg ttg gtc gag	912		
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu			
290	295	300	
cag ctg tcg ctt gcg atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960		
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe			
305	310	315	320
ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg	1008		
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser			
325	330	335	
cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac	1056		
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His			
340	345	350	
aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc	1104		
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe			
355	360	365	
ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt	1152		
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe			
370	375	380	
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg	1200		
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu			

83

385

390

395

400

ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc 1248
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
405 410 415

gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg 1296
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
420 425 430

atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag 1344
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
435 440 445

gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa 1374
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455

<210> 32

<211> 457

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 32

Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu
1 5 10 15

Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
20 25 30

Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
35 40 45

Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
50 55 60

Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
65 70 75 80

Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys
85 90 95

Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
100 105 110

Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
115 120 125

Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys
130 135 140

Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
145 150 155 160

Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
165 170 175

His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
180 185 190

Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
195 200 205

His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
210 215 220

Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
225 230 235 240

Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
245 250 255

Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
260 265 270

Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly
275 280 285

Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu

85

290

295

300

Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe
305 310 315 320

Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser
325 330 335

Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
340 345 350

Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
355 360 365

Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
370 375 380

Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
385 390 395 400

Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
405 410 415

Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
420 425 430

Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
435 440 445

Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455

<210> 33

<211> 3598

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 33

tcgcgcgttt cggtgatgac ggtaaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggtca 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgtaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgtt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgccgcg agtcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttcta atttgttttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcaagtt gattaattta ttctaaatta 600

ttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaaattgtt 720

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780

taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taattttca 840

agacaacaat gttaccacac acaagtttg aggtgcattgc atggatgcc tggaaagt 900

ttaaaaatat ttggaaatg atttgcattgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960

ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtgtct 1020

atataatgag gattttgcaa tactttcatt catacacact cactaagtt tacacgatta 1080

taatttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcagtctag aaggcctcct 1140
gcttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcatacgata tttgcttca attctgttgt 1200
gcacgttcta aaaaacctga gcatgtgttag ctcagatcct taccgcggc ttcgggtcat 1260
tctaatgaat atatcacccg ttactatcgt attttatga ataatattct ccgttcaatt 1320
tactgattgt ccgtcgacga attcgagctc ggcgcgcca gcttggcgta atcatggtca 1380
tagctgttcc ctgtgtgaaa ttgttatccg ctcacaattc cacacaacat acgagccgga 1440
agcataaaagt gttaagcctg ggggcctaa tgagttagt aactcacatt aattgcgttg 1500
cgctcaactgc ccgcattcca gtcggaaac ctgtcggtcc agctgcatta atgaatcgcc 1560
caacgcgcgg ggagagggcgg tttgcgtatt gggcgcttt ccgcatttc gtcactgac 1620
tcgctgcgct cggtcggtcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa ggcggtaata 1680
cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa aggccagcaa 1740
aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcggttt tccataggct ccgcggccct 1800
gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac aggactataa 1860
agataccagg cgttcccccc tggaagctcc ctcgtgcgtct ctcctgttcc gaccctgccc 1920
cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcgt tggcgcttcc tcataagctca 1980
cgctgttaggt atctcagttc ggtgttaggtc gttcgctcca agctggctg tgcacgaa 2040
cccccgttc agcccgaccg ctgcgcctta tccggtaact atcgcttga gtccaaacccg 2100
gtaagacacg acttatacgcc actggcagca gccactggta acaggattag cagagcggagg 2160
tatgttaggcg gtgttacaga gttcttgaag tggtggccata actacggcta cactagaagg 2220
acagtatttg gtatctgcgc tctgctgaag ccagttaccc tcggaaaaag agttggtagc 2280

tcttgcgtcc gcaaacaaac caccgctggc agcggtggtt tttttgtttt caagcagcag 2340
attacgcgca gaaaaaaaagg atctcaagaa gatccttga tctttctac ggggtctgac 2400
gctcagtggc acgaaaactc acgttaaggg atttggtca tgagattatc aaaaaggatc 2460
ttcacctaga tcctttaaa ttaaaaatga agttttaaat caatctaaag tatatatgag 2520
taaacttggc ctgacagttt ccaatgctta atcagtgagg cacctatctc agcgatctgt 2580
ctatccgtt catccatagt tgccctgactc cccgtcgtgt agataactac gatacgggag 2640
ggcttaccat ctggccccag tgctgcaatg ataccgcgag acccacgctc accggctcca 2700
gatttatcag caataaacca gccagccgga agggccgagc gcagaagtgg tcctgcaact 2760
ttatccgcct ccatccagtc tattaattgt tgccggaaag ctagagtaag tagttcgcca 2820
gttaatagtt tgcgcaacgt tggtgccatt gctacaggca tcgtgggtgc acgctcgctg 2880
tttggtatgg cttcattcag ctccgggtcc caacgatcaa ggcgagttac atgatcccc 2940
atgttggtgca aaaaagcggt tagtccttc ggtcctccga tcgttggtcag aagtaagttg 3000
gccgcagtgt tatcaactcat ggttatggca gcactgcata attctcttac tgtcatgcca 3060
tccgtaagat gctttctgt gactggtag tactcaacca agtcatctg agaatagtgt 3120
atgcggcgcac cgagttgctc ttggccggcg tcaatacggg ataataccgc gccacatagc 3180
agaactttaa aagtgcgtcat cattggaaaa cgttcttcgg ggcgaaaact ctcaaggatc 3240
ttaccgctgt tgagatccag ttcgatgtaa cccactcggt cacccaaactg atcttcagca 3300
tcttttactt tcaccagcgt ttctgggtga gcaaaaacag gaaggcaaaa tgccgcaaaa 3360
aagggaaataa gggcgacacg gaaatgttga atactcatac tcttccttt tcaatattat 3420
tgaagcattt atcagggtta ttgtctcatg agcggataca tatttgaatg tatttagaaa 3480

aataaacaaa taggggttcc gcgcacattt ccccgaaaag tgccacctga cgtctaagaa 3540

accattatta tcatgacatt aacctataaa aataggcgta tcacgaggcc ct当地cgtc 3598

<210> 34

<211> 3590

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 34

tcgcgcgttt cgggtatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggta 60

cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgtt ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgttaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcaaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgtt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcccg agctcctcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgta atttgtttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgattt gcgataaaatt ttatatttg gtactaaatt tataacacct 540

tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa tttgcaagtt gattaattga ttctaaatta 600

ttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaattgtt 720

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780
taccacaccaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtagt taattttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagtttg aggtgcacgc atggatgccc tgtggaaagt 900
ttaaaaaatat tttggaaatg atttgcacgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgttgtct 1020
atataatgag gatttgcaa tacttcatt catacacact cactaagtt tacacgatta 1080
taatttcttc atagccagcg gatccgatat cgggccccgct agcgttaacc ctgcttaat 1140
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaaccc gagcatgtgt agtcagatc cttaccgccc gtttcggttc attctaata 1260
atataatcacc cgttactatc gtattttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320
gtccgtcgac gaattcgagc tcggcgcc aagcttggcg taatcatggt catagctgtt 1380
tcctgtgtga aattgttatac cgctcacaat tccacacaaac atacgagccg gaagcataaa 1440
gtgtaaagcc tgggggtgcct aatgagttag ctaactcaca ttaattgcgt tgcgctcact 1500
gcccgtttc cagtcggaa acctgtcggt ccagctgcataatgaatcg gccaacgcgc 1560
ggggagaggc ggtttgcgtt ttggcgctc ttccgcttcc tcgctcactg actcgctgct 1620
ctcggtcggtt cggctgcggc gagcggtatac agtcactca aaggcggtaa tacggttatac 1680
cacagaatca gggataacg cagaaagaa catgtgagca aaaggccagc aaaaggccag 1740
gaaccgtaaa aaggccgcgt tgctggcggtt tttccatagg ctccgccccctgacgagca 1800
tcacaaaaat cgacgctcaa gtcagagggtg gcgaaacccg acaggactat aaagatacca 1860
ggcggttcccc cctggaagct ccctcggtcg ctctccgtt ccgaccctgc cgcttaccgg 1920

atacctgtcc gcctttctcc cttcgggaag cgtggcgctt tctcatagct cacgctgttag 1980
gtatctcagt tcggtgttagg tcgttcgctc caagctgggc tgtgtgcacg aaccccccgt 2040
tcagccccac cgctgcgcct tatccggtaa ctatcgctt gagtccaacc cggtaaagaca 2100
cgacttatcg ccactggcag cagccactgg taacaggatt agcagagcga ggtatgttagg 2160
cggtgctaca gagttcttga agtggtgcc taactacggc tacactagaa ggacagtatt 2220
tggtatctgc gctctgctga agccagttac ctccggaaaa agagttggta gctcttgatc 2280
cgccaaacaa accaccgctg gtagcggtgg ttttttgtt tgcaagcagc agattacgct 2340
cagaaaaaaaaa ggatctcaag aagatccccc gatctttct acggggctcg acgctcagtg 2400
gaacgaaaac tcacgttaag ggatttttgtt catgagatta tcaaaaagga tcttcaccta 2460
gatcctttta aattaaaaat gaagttttaa atcaatctaa agtataatatg agtaaacttg 2520
gtctgacagt taccaatgct taatcagtga ggcacctatc tcagcgatct gtctatttcg 2580
ttcatccata gttgcctgac tccccgtcgt gtagataact acgatacggg agggcttacc 2640
atctggcccc agtgctgcaa tgataccgctg agacccacgc tcaccggctc cagatttata 2700
agcaataaac cagccagccg gaagggccga ggcagaagt ggtcctgcaa ctttatccgc 2760
ctccatccag tctattaatt gttgccggga agctagagta agtagttcgc cagttaatag 2820
tttgcgcaac gttgttgcac ttgctacagg catcgtggtg tcacgctcgt cgtttggat 2880
ggcttcattc agctccgggtt cccaaacgatc aaggcgagtt acatgatccc ccatgttgc 2940
caaaaaagcg gttagctcct tcggcctcc gatcggttgc agaagtaagt tggccgcagt 3000
gttatacactc atggatatgg cagcactgca taattctctt actgtcatgc catccgtaa 3060
atgctttct gtgactggtg agtactcaac caagtcattc tgagaatagt gtatgcggcg 3120

accgagttgc tcttgcccg cgtaatacg ggataatacc gcgccacata gcagaacttt 3180
aaaagtgc tc atcattggaa aacgttcttc gggcgaaaa ctctcaagga tcttaccgct 3240
gtttagatcc agttcgatgt aacccactcg tgacccaac tgatcttcag catctttac 3300
tttcaccaggc gtttctgggt gagcaaaaac aggaaggcaa aatgccgcaa aaaaggaaat 3360
aaggcgaca cggaaatgtt gaatactcat actcttcctt tttcaatatt attgaagcat 3420
ttatcagggt tattgtctca tgagcggata catatggaa tgtatggaa aaaataaaca 3480
aatagggtt ccgcgcacat ttccccgaaa agtgcaccc gacgtctaag aaaccattat 3540
tatcatgaca ttaacctata aaaataggcg tatcacgagg cccttcgctc 3590

<210> 35

<211> 3584

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 35

tcgcgcgttt cgggtatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggta 60

cagcttgtct gtaaggcgat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120

ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180

accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgttaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240

attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aaggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300

tacgccagct ggcgaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttggta acgccagggt 360

tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgccg agtcctcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgcata atttgaaaaattt gttttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaaattt ttatatattt gtactaaattt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgc当地 cacttagcaa tttgcaagtt gattaatttga ttctaaatttta 600
ttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttgc ttaatatttcc 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaatttgc 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttggagg ataataatgg 780
taccacaccaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taattttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagtttg aggtgcacgc atggatgc当地 tggaaaatg 900
ttaaaaat tttggaaatg atttgcacgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtatgtct 1020
atataatgag gattttgc当地 tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
taatttcttc atagccagca gatctgccc当地 catcgatccc gggccatggc ctgctttaat 1140
gagatatgc当地 agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaaccc gagcatgtgt agtcagatc cttaccgc当地 gtttcgggatc attctaatga 1260
atataatcacc cgttactatc gtatttttat gaataatattt ctccgttcaa ttactgtt 1320
gtccgtcgac gagctcgccg cggcaagctt ggcgtatca tggtcatagc tgtttccgtt 1380
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440
agcctgggatc gcctaatgag tgagctaact cacattaattt gcgttgc当地 cactgccc当地 1500
tttccagtc当地 ggaaacctgt cgtgccagct gcattaaatga atcggccaac ggc当地gggag 1560

aggcggtttg cgtattgggc gctttccgc ttctcgctc actgactcgc tgcgctcggt 1620
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga 1680
atcaggggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740
taaaaaggcc gcgttgctgg cgaaaaatcca taggctccgc cccccctgacg agcatcacaa 1800
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaaagat accaggcggt 1860
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tttccgacc ctgccgctta ccggataacct 1920
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980
cagttcggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtgc 2160
tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggctacact agaaggacag tatttggtat 2220
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagctttt gatccggcaa 2280
acaaaccacc gctggtagcg gtggttttt tgtttgcaga cagcagatta cgcgccagaaa 2340
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggAACGA 2400
aaactcacgt taagggattt tggtcatgag attatcaaaa aggatcttca cctagatcct 2460
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata tatgagtaaa cttggctctga 2520
cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc 2580
catagttgcc tgactccccg tcgtgttagat aactacgata cgggagggtt taccatctgg 2640
ccccagtgtt gcaatgatac cgcgagaccc acgctcaccc gctccagatt tatcagcaat 2700
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtggtcct gcaactttat ccgcctccat 2760

ccagtctatt aattgttgcc gggaaagctag agtaagtagt tcgccaggta atagtttgcg 2820
caacgttgtt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcggttgc gtatggcttc 2880
attcagctcc ggccccaaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtgcaaaaa 2940
agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttatac 3000
actcatggtt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgccatccg taagatgctt 3060
ttctgtgact ggtgagtaact caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
ttgctcttgc ccggcgtcaa tacggataa taccgcgcca catagcagaa cttaaaaagt 3180
gctcatcatt ggaaaacgtt ctccggggcg aaaactctca aggatcttac cgctgtttag 3240
atccagttcg atgtaaccca ctcgtgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
cagcgtttct gggtagcaaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataaggc 3360
gacacggaaa tggtaatac tcatactttt ccttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480
ggttccgcgc acatttcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
gacattaacc tataaaaata ggcgtatcac gaggcccttt cgtc 3584

<210> 36
<211> 4507
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche
Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 36

tcgcgcgtt cggtgatgac ggtgaaaacc tctgacacat gcagctcccg gagacggtca 60
cagcttgtct gtaagcggat gccgggagca gacaagcccg tcagggcgcg tcagcgggtg 120
ttggcgggtg tcggggctgg cttaactatg cggcatcaga gcagattgta ctgagagtgc 180
accatatgcg gtgtgaaata ccgcacagat gcgttaaggag aaaataccgc atcaggcgcc 240
attcgccatt caggctgcgc aactgttggg aagggcgatc ggtgcgggcc tcttcgctat 300
tacgccagct ggcaaaggg ggatgtgctg caaggcgatt aagttggta acgccagggt 360
tttcccagtc acgacgttgt aaaacgacgg ccagtgaatt cggcgcccg agtcctcga 420
gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgcattttt gtttactat 480
gtgtgttatg tatttgattt gcgataaatt tttatatttgcgtactaaatt tataacacct 540
tttatgctaa cgtttgccaa cacttagcaa ttgcgaaattt gattaatttgcattttt 600
ttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaaatatttgcattttt 660
tactatagga gaattaaagt gagtgaatat ggtaccacaa ggtttggaga tttaatttgcgtt 720
gcaatgctgc atggatggca tatacaccaa acattcaata attcttgcgtt gatataatgg 780
taccacacaa gatttgaggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggtttag taattttca 840
agacaacaat gttaccacac acaagtttgcgtt aggtgcgttgcgtt atggatggccc tggaaatgt 900
ttaaaaat tttggaaatg atttgcgtt aagccatgtt taaaaccatg acatccactt 960
ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa ttacatgca actagttatg catgtgttct 1020
atataatgag gattttgcaaa tactttcatt catacacact cactaagttt tacacgatta 1080
taatttcttc atagccagcc caccgcggtg ggcggccgcc tgcgttgcgtt aaggccctcct 1140
gcttaatga gatatgcgag acgcctatga tcgcgttgcgtt tttgcgttca attctgttgt 1200

gcacgttgta aaaaacctga gcatgttag ctcagatcct taccggcggt ttccggttcat 1260
tctaataaat atatcacccg ttactatcgt atttttatga ataataattct ccgttcaatt 1320
tactgattgt ccgtcgagca aatttacaca ttgccactaa acgtctaaac ccttgtaatt 1380
tgtttttgtt ttactatgtg tgttatgtat ttgatttgcg ataaattttt atatttgta 1440
ctaaatttat aacacccccc atgctaacgt ttgccaacac ttagcaattt gcaagttgat 1500
taattgattc taaatttattt ttgtcttcta aatacatata ctaatcaact ggaaatgtaa 1560
atatttgcta atatttctac tataggagaa ttaaagttag tgaatatggc accacaaggt 1620
ttggagattt aattgttgca atgctgcattt gatggcatat acaccaaaca ttcaataattt 1680
cttgaggata ataatggcacat cacacaagat ttgaggtgca tgaacgtcac gtggacaaaa 1740
ggtttagtaa ttttcaaga caacaatgtt accacacaca agttttgagg tgcattgcattt 1800
gatgccctgt ggaaagtttta aaaatattttt ggaaatgatt tgcattgaaag ccatgtgtaa 1860
aaccatgaca tccacttggaa ggatgcaata atgaagaaaa ctacaaattt acatgcaact 1920
agttatgcattt gtagtctata taatgaggat ttgcataac tttcattcat acacactcac 1980
taagtttac acgattataa ttcttcata gccagcggat ccgatatcggt gcccccttagc 2040
gttaaccctg cttaatgag atatgcgaga cgccatgtat cgcatgatat ttgcattcaa 2100
ttctgttgtaa cacgttgaa aaaacctgag catgtgttagc tcagatcctt accggcggtt 2160
tcggttcattt ctaatgaata tattcacccgt tactatcgta tttttatgaa taatattctc 2220
cgttcaattt actgattgtc cgtcgacgaa ttgcagctcg gcgcgccaag cttggcgtaa 2280
tcatggtcat agctgtttcc tgtgtgaaat tggtatccgc tcacaattcc acacaacata 2340
cgagccggaa gcataaaagtg taaaggctgg ggtgcctaatt gagtgagcta actcacatta 2400

attgcgttgc gctcaactgcc cgctttccag tcgggaaacc tgtcgtgcca gctgcattaa 2460
tgaatcgccc aacgcgcggg gagaggcggt ttgcgtattg ggcgctcttc cgcttcctcg 2520
ctcaactgact cgctgcgctc ggtcgttcgg ctgcggcgag cggtatcagc tcactcaaag 2580
gcggtaatac ggttatccac agaatcaggg gataacgcag gaaagaacat gtgagcaaaa 2640
ggccagcaaa aggccaggaa ccgtaaaaag gccgcgttgc tggcgaaaa ccataggctc 2700
cgccccccctg acgagcatca caaaaatcga cgctcaagtc agaggtggcg aaacccgaca 2760
ggactataaa gataccaggc gttccccct ggaagctccc tcgtgcgctc tcctgttccg 2820
accctgcgc accctgcgc ttaccggata cctgtccgccc tttctccctt cgggaagcgt ggcgctttct 2880
catagctcac gctgttaggta tctcagttcg gtgttaggtcg ttcgctccaa gctgggctgt 2940
gtgcacgaac cccccgttca gcccgcaccgc tgccgccttat ccggtaacta tcgtcttgag 3000
tccaacccgg taagacacga cttatcgcca ctggcagcag ccactggtaa caggattagc 3060
agagcgaggt atgttaggcgg tgctacagag ttcttgaagt ggtggctaa ctacggctac 3120
actagaagga cagtatttgg tatctgcgct ctgctgaagc cagttacctt cggaaaaaga 3180
gttggtagct cttgatccgg caaacaaaacc accgctggta gcgggtggttt ttttgtttgc 3240
aagcagcaga ttacgcgcag aaaaaaaagga tctcaagaag atcctttgat ctttctacg 3300
gggtctgacg ctcagtggaa cgaaaactca cgtaaggga ttttggcat gagattatca 3360
aaaaggatct tcaccttagat cttttaaat taaaaatgaa gttttaatc aatctaaagt 3420
atatatgagt aaacttggtc tgacagttac caatgctta tcagtggc acctatctca 3480
gcgatctgtc tatttcgttc atccatagtt gcctgactcc ccgtcgtgt aataactacg 3540
atacgggagg gcttaccatc tggcccccagt gctgcaatga taccgcgaga cccacgctca 3600

ccggctccag atttatcagc aataaaaccag ccagccggaa gggccgagcg cagaagtgg 3660
cctgcaactt tatccgcctc catccagtct attaattgtt gccggaaagc tagagtaagt 3720
agttcgccag ttaatagttt gcgcaacgtt gttgccattt ctacaggcat cgtggtgtca 3780
cgctcgctgt ttggtatggc ttcattcagc tccggttccc aacgatcaag gcgagttaca 3840
tgatccccca tggtgtcaa aaaagcggtt agtccttcg gtcctccgat cggtgtcaga 3900
agtaagttgg ccgcagtgtt atcactcatg gttatggcag cactgcataa ttctcttact 3960
gtcatgccat ccgtaagatg ctttctgtg actggtgagt actcaaccaa gtcattctga 4020
gaatagtgtt tgccgcgacc gagttgctct tgccggcgt caatacggga taataccg 4080
ccacatagca gaaccttaaa agtgctcatc attggaaaac gttttcggg gcgaaaactc 4140
tcaaggatct taccgctgtt gagatccagt tcgatgtaac ccactcgtgc acccaactga 4200
tcttcagcat ctttacttt caccagcggt tctgggtgag caaaaacagg aaggcaaaat 4260
gccgcaaaaa aggaaataag ggacacacgg aaatgttcaa tactcataact cttcctttt 4320
caatattatt gaagcattt tcagggttat tgtctcatga gcggatacat atttgaatgt 4380
attttagaaaa ataaacaaaat aggggtccg cgacatattc cccgaaaagt gccacctgac 4440
gtctaagaaa ccattattat catgacatta acctataaaa ataggcgtat cacgaggccc 4500
tttcgtc 4507

<210> 37
<211> 5410
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> Sequenz stellt eine pflanzliche

100

Promotor-Terminator-Expressionskassette in Vektor
pUC19 dar

<400> 37

tttggaaat gattgcattt gaagccatgt gtaaaaaccat gacatccact tggaggatgc 60

aataatgaag aaaactacaa atttacatgc aactagttat gcatgttagtc tatataatga 120

ggattttgca atactttcat tcatacacac tcactaagtt ttacacgatt ataatttctt 180

catagccagc ggatccgata tcgggcccgc tagcgtaaac cctgctttaa tgagatatgc 240

gagacgccta tgatgcattt atatttgcctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc 300

tgagcatgtg tagctcagat ccttaccgccc ggtttcgggtt cattctaattt aatataatcac 360

ccgttactat cgtatTTTA tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga 420

gcaaatttac acattgccac taaacgtcta aacccttgcattttt gttttactat 480

gtgtgttatg tatttgcattt gcgataaaattttt tttatatttg gtactaaattt tataacacct 540

tttatgctaa cgTTTGCCTT cacttagcaa tttgcattttt gattaatttgc ttctaaattt 600

tttttgtctt ctaaatacat atactaatca actggaaatg taaatatttg ctaatatttc 660

tactatagga gaatTTAAAGT gagtgaatat ggtaccacaa ggTTTGGAGA tttaattgtt 720

gcaatgctgc atggatggca tatacaccaaa acattcaata attcttgagg ataataatgg 780

taccacacaa gatttgagggt gcatgaacgt cacgtggaca aaaggTTTGTG taattttca 840

agacaacaat gttaccacac acaagTTTG aggtgcattgc atggatgccc tgtggaaagt 900

ttaaaaatat tttggaaatg atttgcattgg aagccatgtg taaaaccatg acatccactt 960

ggaggatgca ataatgaaga aaactacaaa tttacatgc actagttatg catgttagtct 1020

atataatgag gattttgca tactttcatt catacacact cactaagtt tacacgatta 1080

taatttcttc atagccagca gatctgccgg catcgatccc gggccatggc ctgcttaat 1140
gagatatgcg agacgcctat gatcgcatga tatttgcttt caattctgtt gtgcacgttg 1200
taaaaaacct gagcatgtgt agctcagatc cttaccgccc gtttcggttc attctaata 1260
atatatcacc cgttactatc gtattttat gaataatatt ctccgttcaa ttactgatt 1320
gtccgtcgac gagctcggcg cgccaagctt ggcgtaatca tggtcatagc tgtttcgtt 1380
gtgaaattgt tatccgctca caattccaca caacatacga gccggaagca taaagtgtaa 1440
agcctgggt gcctaatacg tagagctaact cacattaatt gcgttgcgt cactgcccgc 1500
tttccagtcg ggaaacctgt cgtgccagct gcattaatga atcggccaac ggcggggag 1560
aggcggtttg cgtattggc gctttccgc ttccctcgctc actgactcgc tgcgctcggt 1620
cgttcggctg cggcgagcgg tatcagctca ctcaaaggcg gtaatacggt tatccacaga 1680
atcagggat aacgcaggaa agaacatgtg agcaaaaggc cagcaaaagg ccaggaaccg 1740
taaaaaggcc gcgttgcgg cgttttcca taggctccgc cccccctgacg agcatcacaa 1800
aaatcgacgc tcaagtcaga ggtggcgaaa cccgacagga ctataaagat accaggcg 1860
tccccctgga agctccctcg tgcgctctcc tggccgacc ctgcccgtta cggataacct 1920
gtccgccttt ctcccttcgg gaagcgtggc gctttctcat agctcacgct gtaggtatct 1980
cagttcggtg taggtcggtc gctccaagct gggctgtgtg cacgaacccc ccgttcagcc 2040
cgaccgctgc gccttatccg gtaactatcg tcttgagtcc aaccggtaa gacacgactt 2100
atcgccactg gcagcagcca ctggtaacag gattagcaga gcgaggtatg taggcgggtgc 2160
tacagagttc ttgaagtggt ggcctaacta cggttacact agaaggacag tatttggat 2220
ctgcgctctg ctgaagccag ttaccttcgg aaaaagagtt ggtagcttt gatccggcaa 2280

acaaaccacc gctggtagcg gtggttttt tggcaag cagcagatta cgcgagaaa 2340
aaaaggatct caagaagatc ctttgatctt ttctacgggg tctgacgctc agtggAACGA 2400
aaactcacgt taaggattt tggtcatgag attatcaaaa aggatctca cctagatcct 2460
tttaaattaa aaatgaagtt ttaaatcaat ctaaagtata tatgagtaaa ctggTCTGA 2520
cagttaccaa tgcttaatca gtgaggcacc tatctcagcg atctgtctat ttcgttcatc 2580
catagttgcc tgactccccg tcgtgttagat aactacgata cgggagggct taccatctgg 2640
ccccagtgt gcaatgatac cgcgagaccc acgctcaccc gctccagatt tatcagcaat 2700
aaaccagcca gccggaaggg ccgagcgcag aagtggcct gcaactttat ccgcctccat 2760
ccagtctatt aattgttgc gggagctag agtaagtagt tcgcccagtta atagttgcg 2820
caacgttgtt gccattgcta caggcatcgt ggtgtcacgc tcgtcgTTG gtatggcttc 2880
attcagctcc ggttccaaac gatcaaggcg agttacatga tccccatgt tgtcaaaaaa 2940
agcggttagc tccttcggtc ctccgatcgt tgtcagaagt aagttggccg cagtgttac 3000
actcatggtt atggcagcac tgcataattc tcttactgtc atgcccattcg taagatgctt 3060
ttctgtgact ggtgagtagt caaccaagtc attctgagaa tagtgtatgc ggcgaccgag 3120
ttgctttgc ccggcgtcaa tacggataa taccgcGCCa catagcagaa cttaaaaagt 3180
gctcatcatt ggaaaacgtt cttcgccccg aaaactctca aggatcttac cgctgttgag 3240
atccagttcg atgtaaccca ctcgtgcacc caactgatct tcagcatctt ttactttcac 3300
cagcgTTCT gggtagcaa aaacaggaag gcaaaatgcc gcaaaaaagg gaataaggc 3360
gacacggaaa tggtaatac tcatactttt ctttttcaa tattattgaa gcatttatca 3420
gggttattgt ctcatgagcg gatacatatt tgaatgtatt tagaaaaata aacaaatagg 3480

ggttccgcgc acatcccc gaaaagtgcc acctgacgtc taagaaacca ttattatcat 3540
gacattaacc tataaaaata ggcttatcac gaggccctt cgtctcgcbc gtttcggta 3600
tgacggtaaa aacctctgac acatgcagct cccggagacg gtcacagctt gtctgtaa 3660
ggatgccggg agcagacaag cccgtcaggg cgccgtcagcg ggtgttggcg ggtgtcgggg 3720
ctggcttaac tatgcggcat cagagcagat tgtactgaga gtgcaccata tgccgtgtga 3780
aataccgcac agatgcgtaa ggagaaaata ccgcattcagg cgccattcgc cattcaggct 3840
gcgcactgt tggaaaggc gatcggtgcg ggcctttcg ctattacgcc agctggcgaa 3900
agggggatgt gctgcaaggc gattaagttt ggttaacgcca gggttttccc agtcacgacg 3960
ttgtaaaacg acggccagtg aattcggcgc gccgagctcc tcgagcaa at tacacattt 4020
ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgc tttgttttta ctatgtgtgt tatgtatttgc 4080
atttgcata aattttata tttggtaacta aatttataac acctttatg ctaacgttttgc 4140
ccaacactta gcaatttgc a gttgattaa ttgattctaa attatttttgc tttctaaat 4200
acatataacta atcaactgga aatgtaaaata tttgctaata tttctactat aggagaatta 4260
aagttagtga atatggtacc acaaggtttgc gagatttaat tttgtcaatg ctgcattggat 4320
ggcatataca ccaaaccattc aataattctt gaggataata atggtaccac acaagatttgc 4380
aggtgcata acgtcacgtg gacaaaagggt ttagtaattt ttcaagacaa caatgttacc 4440
acacacaagt tttgaggtgc atgcattggat gcccgtggaa aagttaaaaa atattttggaa 4500
aatgatttgc atggaaaggca tttgtaaaac catgacatcc acttggagga tgcaataatg 4560
aagaaaaacta caaatttaca tgcaactagt tatgcata ttttatataa tgaggatttt 4620
gcaatactt cattcataca cactcaactaa gttttacacg attataattt cttcatagcc 4680

agcccaccgc ggtggcgcc cgcctgcagt ctagaaggcc tcctgcttta atgagatatg 4740
cgagacgcct atgatcgcat gatatttgct ttcaattctg ttgtgcacgt tgtaaaaaac 4800
ctgagcatgt gtagtcaga tccttaccgc cggtttcggt tcattctaataat 4860
cccgttacta tcgtatTTT atgaataata ttctccgttc aatttactga ttgtccgtcg 4920
agcaaattta cacattgcca ctaaacgtct aaacccttgt aatttggTTT tgTTTacta 4980
tgtgtgttat gtatttgatt tgcgataaaat ttttatattt ggtactaaat ttataacacc 5040
tttatgcta acgTTGCCA acacttagca atttgcaggT tgattaattt attctaaattt 5100
atTTTgtct tctaaataca tatactaatac aactggaaat gtaaatattt gctaataattt 5160
ctactatagg agaattaaag tgagtgaata tggtaccaca aggtttggag atttaattgt 5220
tgcaatgctg catggatggc atatacacca aacattcaat aattctttag gataataatg 5280
gtaccacaca agatttgagg tgcatgaacg tcacgtggac aaaaggTTTA gtaattttc 5340
aagacaacaa tgTTaccaca cacaaggTTT gaggtgcattt catggatgcc ctgtggaaag 5400
tttaaaaata 5410

<210> 38
<211> 12093
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 38
gatctggcgcc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gccccaaacg atccgacagc 60
gcGCCcagca caggtgcgcga ggcaattgc accaacgcattt acagcgccag cagaatgcc 120

tagtggcggt tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcacccggc 180
ataatcagggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgcacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240
atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300
ttcttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360
tgacaaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggctg 420
gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cgaaacgggtt gggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccgg cagttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660
ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgccgagctt cgcttcctct 720
gcgaggcggg ttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg gcgcacagcga tgccggcgag cgccggccgca 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgcgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900
ccggtccggaa cgcacgcttc gagcaggac tcgcgggtat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggcttgtgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattta tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgttag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
ccaaggctca cggccgcgtc cggcctctct ggccggcttc tggcgcttt ccgccttcctc 1200
gctcaactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320

aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgaaaa tccataggct 1380
ccgccccctt gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaaccggac 1440
aggactataa agataaccagg cgtttcccccc tggaagctcc ctcgtgcgct ctcctgttcc 1500
gaccctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcggaaagcg tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatata ccattttttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaagggtt ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttgcacactg gcggtgctca acggaaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgcccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agectgtcgg cctacactgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcggtggac tatgagcactg tccgcgagct ggccgcatac aatggcgacc 2040
tggccgcctt gggccgcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccggcgc acggcgccgt 2100
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagctt 2160
gcaaggatcat gatgggcgtg gtccgcccga gggcagagcc atgactttt tagccgctaa 2220
aacggccggg ggggtgcgt gattgccaag cacgtccccca tgcgtccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcgccttgc 2340
gacgctcacc gggctggttt ccctcgccgc tggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgcccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460
cctcgccggaa aacttggccc tcactgacag atgagggcg gacgttgaca cttgagggc 2520

cgactcaccc ggccgcggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgccctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctggga taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga ggggcgcgat ccttgacact tgaggggcag agtgctgaca gatgaggggc 2760
gcacctattt acatttgagg ggctgtccac aggcaaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgcccgtt ttcggccacc gctaacctgt cttaaacct gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tcccgccccg ctaacgcggg cctccatcc ccccaggggc 3000
tgcccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgcccggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccgaaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggccgcctg ccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgccgggt gccgtgctcg 3300
tgttcgaaaa tgcgataaaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaatttggc cttttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatac aagatatcgc cgtatgtaa gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg ctttatcaata tatctataga atggccaaag cataaaaaact 3600
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataacctt agcttgtaaa ttctatcata 3660
attggtaat gactccaaact tattgatagt gtttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720

tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttgcgtgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagcttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgccagacg atgacgtcac 4080
tgccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag tttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgccc taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg atttcttgtt gcgtaccggg ttgagaagcg gtgttaagtga actgcagttg 4260
ccatgttta cggcagttag agcagagata gcgctgatgt cggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cggcagttag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcaccta aAACACCATC atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440
tggttcaaa atcggtccg tcgatactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttggtaataa ttagcttctt gggtatctt taaatactgt agaaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggAACGG 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920

gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggcttttc actccatcga catatcgat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatcaa agatccgcgc gagctgtatg atttttaaa gacggaaaag 5160
ccccaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgg aagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg ggaaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatttttg acttactgg gatcaaggct gattggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tgtagtagta cctagatgtg ggcgaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgtttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
ggcaagggg tcgctggat tcgtgcaggg caagattcg aataccaagt acgagaagga 5580
cgccagacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggtaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccc agatgccga aaccatcgca agccgcaccc tcatgcgtgc 5820
cccccgcaa acttccagt ccgtcggtc gatggtccag caagctacgg ccaagatcg 5880
gcfgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatggccg ccgtggagcg 5940
ttcgctcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aatgcagct 6120

ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccc cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcgac 6660
ggcccgcacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc cacccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcgaaaggt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgcctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattt tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgttacgag 7140
cacgaggaga aaaagccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320

ggggtcgccc gtagctgct gcgggcgtt ccggcggtt tattgctcgatgatcg 7380
cgacagattc caacggaaat ctggtggatg cgcatcttca tcctcggcgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttggtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggcgg ggtcgccgg 7500
acggtaggccc ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggtagc 7560
ccgataacgat tggatggcggt cctggggct atttgcggaa ctgccccgt ggccgtgtt 7620
gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgtcg cagccccct ggccggggcg 7680
gtttccatgg cggtcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacccccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggccggccgaa ggacttctgc tcgttccagt agcttttagt 7800
tttgcgtccgc caatccccat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcg 7860
ctgatcgag cgggttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgatc actcgaacct 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccc acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgtt ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttt atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata gcgccactca gtttcctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatacgatcc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgcgtaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcattccgtgt ttcaaaacccg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtccccggaa ctgatggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520

gacgtttta atgtactggg gtgggtttc ttttaccagg tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcggca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcgcc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttgc acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaaag aaagcgaaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggcctttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtgc 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatatatt attgataaaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtagatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtataac ataaattgtat gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480
tcagcaatat cacggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccc acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcgccca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgcatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc ggccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720

gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgttcg cttggggc 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcattcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgctgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggcg cccctgcgct gacagccgga acacggcgcc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccc atcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttgc ttcaatccaa gctccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atggaacgac 10260
agtggagcat ttttgcacaa aatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgactttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcgggtctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcgccg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgatc ttgatccc 10500
gcgcgcatac atccttggcg gcaagaaagc catccagtt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggccgcggc ctggcaattc cgggtcgctt gctgtccata aaaccgcggc 10620
gtctagctat cgccatgtaa gcccactgca agctacctgc tttcttttgc cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttc tacgtgtcc gtttcatttgc gcaagcccttgc cggccgttgt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcattgcctg caggtcgacg ggcgcggcag ctcctcgagc aaatttacac 10860
atgccacta aacgtctaaa cccttgcataat ttgtttttgt tttactatgt gtgttatgt 10920

tttgcatttc gataaaattt tatatttggt actaaattta taacacccctt tatgctaacg 10980
tttgcacaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaatttattt tttgtttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attnaagtga gtgaatatgg taccacaagg ttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaacc attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta attttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagttttgag gtgcattgtcat ggatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcattggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgttagtctat ataatgagga 11460
tttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcgggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgcttcaat tctgttgtgc acgttgaaa 11640
aaacctgagc atgtgttagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700
atcacccgtt actatcgat tatttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
gtcgacgaat tcgagctcgg cgcgcctcta gaggatcgat gaattcagat cggctgagtg 11820
gctccttcaa cgttgcgggtt ctgtcagttc caaacgtaaa acggcttgc cgcgtcattc 11880
ggcgccccgtc ataacgtgac tcccttaatt ctccgcattc gatcagattt tcgtttcccg 11940
ccttcagttt aaactatcag tgtttgcacag gatataattgg cgggtaaacc taagagaaaa 12000
gagcgtttat tagaataatc ggatatttaa aaggcggtga aaaggtttat cttcgatcca 12060
tttgtatgtc catgccaacc acagggttcc cca 12093

<210> 39
<211> 12085
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 39
gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccggaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcca 120

tagtggcggt tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccccgg cagcacccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgtttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgg 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggctg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggAACGGTTT gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgcacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

ccggcacgcg accggcgcga ccgcagatgg aaacggccga cgccgagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg ttttcggcc gggacgccc tcaatgcgct gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg ggcacagcga tgccggcgag cgccggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgccgctgt tgccggccgc gatagacgcc ttcgacgaag 900
ccggtccgga cgcacgcttc gagcaggac tcgcggtgat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctccccctt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
ccaaggctca cggccgcgtc cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgcttcctc 1200
gctcactgac tcgctgcgtc cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaaa ggccgcgttg ctggcgaaaa tccataggct 1380
ccgccccctt gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttccccc tggaaagctcc ctgcgtgcgtc ctccctgttcc 1500
gaccctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcggaaagcgc tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttccgtatcc ccattcccttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttccgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttccgcacctg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgcccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgtc ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcact tccgcgagct ggccgcatac aatggcgacc 2040

tggccgcctt gggccgcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcggt 2100
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaaggcag gacgagctt 2160
gcaaggcat gatggcggt gtccgcccga gggcagagcc atgactttt tagccgctaa 2220
aacggccggg ggggtgcgtt gattgccaag cacgtccccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgccttgc 2340
gacgctcacc gggctggttt ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acggcgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460
cctcgccgaa aacttggccc tcactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgagggc 2520
cgactcaccc ggccggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggta taagtgcctt gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga gggcgcgat cttgacact tgagggcag agtgctgaca gatgagggc 2760
gcacctattt acatttgggg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgcccgtt ttccggccacc gctaacctgt cttaaacct gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttggtt tttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaaggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tcccgcccg ctaacgcggg cctccatcc cccagggc 3000
tgcccccctc ggccgcgaac ggctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccggat cgggcagta acggatggg cgatcagccc gagcgacgc cccggaaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggccgcctg cccttactt cggccgtcg ggcattcacg gacttcatgg 3240

cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgccgg 3300
tgttcgaaaa tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggatg ataggtaaga ttataaccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatac ttttatatac aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600
tgcatggact aatgcttcaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttgcgtgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagcttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggc tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgccgagacg atgacgtcac 4080
tgcccggtcg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag tttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgccc taatgcgggc tggcccccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggc gcttaccggg ttgagaagcg gtgttaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagtgag agcagagata ggcgtatgtt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cggcgtatgt ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440

tggtttcaaa atcggctccg tcgataactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggaaaaa gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtccctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcactt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctcttc actccatcga catatcgat tgcctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattt cggaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccattaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaaagagg aacttgcctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcggc caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg ggaaagaaca gtatgtcgag 5340
ctattttttgc acttactggg gatcaaggct gattggaga aaataaaata ttatattttt 5400
ctggatgaat tggatgtt cctagatgtg ggcgcacat gcccggcaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcattca agtggggctt ctctcaggcc gaggccccacg gcaagtattt 5520
ggccaagggg tcgctggat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaatg acgagaagga 5580
cgcccgacg gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640

ggcaccaggc gggtaaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccc agatgccga aaccatcgca agccgcaccg tcacgcgtgc 5820
gcccccgcgaa accttcagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccacgcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggccgcagg ttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaac acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc acttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctggcgttgt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatggcct 6480
cacgtccgac cgcgttggc acctgaaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cggaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcggc 6660
ggccccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cgcgaaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaatga 6840

tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg. ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gccccgggtc ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcg 7380
cgacagattc caacggaaat ctggtggatg cgcatcttca tcctcggcgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttggtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggccc ggtcgccggc 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggtac 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctggggct atttcggaa ctgcggcgt ggcgttgt 7620
gtgttacac caaacgcagc gctagatcct gtccggcgtc cagcgggcct ggcggggcgc 7680
gtttccatgg cgttcggAAC cgtgctgacc cgcaagtggc aaccccccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800
tttgcgtccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcg 7860
ctgatcgag cgggttaac ctacttcctt tgggtccggg ggtatctcgac actcgAAC 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg ggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccc acagtcggaa ctccgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040

aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgcataaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccaaatacg tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgccta caacggctct cccgctgacg ccgtcccggga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgcccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgtttta atgtactggg gtgggttttc ttttccaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcggca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttt atgggtggttc cggaaatcgac aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgagggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcggcgac cattcaggct gcgcaactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggccctttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120
aattaattcc catcttggaaa gaaatatagt taaaatattt attgataaaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatatt 9240

tcaataactg attatatcatg ctggtagcatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtataac ataaatttat gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtag cccattcgcc gccaagctct 9480
tcagcaatat cacggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgcccc acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgttcg cttggggcgaatggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgcgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgc aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgctgtggcc 9960
agccacgata gccgcgtgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggcgccc cccctgcgtc gacagccgga acacggcgcc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccc gtcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttgc ttcaatccaa gctccatgg gcccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atgaaacgtc 10260
agtggagcat tttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgactttga 10320
acgcgcataata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aaccgcggc 10380
ttagtggctc cttcaacgtt gcgggtctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440

gtcatcgccg gggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatcccc 10500
gcgccatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggcccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcca 10620
gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttc tacgtgttcc gtttcctta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg ggcgcggag ctcctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa ccctttaat ttgttttgtt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacacctt tatgctaacg 10980
tttgccaaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaattgatt ctaaatttattt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
ataaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaacc attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta attttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagtttgag gtgcattgcattt ggttgccttggaaatgtt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcattggaa gcatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggtgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgttgtctat ataatgagga 11460
tttgcaata cttcattca tacacactca ctaagttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagcgga tccgatatcg ggcccgctag cgttaaccct gctttaatgat gatatgcgag 11580
acgcctatga tcgcattgata ttgcattca attctgttgc acacgttgc aaaaacctga 11640

gcatgtgttag ctcagatcct taccgccgt ttcgggtcat tctaataaatatcccg 11700
ttactatcgtaattttatga ataataattctt ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
atccgagctc ggccgcgcctc tagaggatcg atgaatttagt atcggctgag tggctccttc 11820
aacgttgcgg ttctgtcagt tccaaacgta aaacggcttg tcccgctca tcggcgggggg 11880
tcataacgtg actcccttaa ttctccgctc atgatcagat tgcgtttcc cgccttcagt 11940
ttaaactatc agtgtttgac aggatatatt ggcgggtaaa cctaagagaa aagagcgttt 12000
attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaagggtt atccctcgctc catttgtatg 12060
tgcatgccaa ccacagggtt cccca 12085

<210> 40

<211> 12079

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit einer
Promotor-Terminator-Expressionskassette

<400> 40

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccggaaacg atccgacagc 60

gcggccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcc 120

tagtggccgg tgacgtcggtt cgagtgaacc agatcgccca ggaggccccgg cagcacccggc 180

ataatcaggc ccatgcccac agcgatcgac ggcacagtgc tcagaattac gatcagggtt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360

tgcacaaagtt gcagccgaat acagtgtatcc gtgcgcgcct ggacctgttg aacgaggtcg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggaacgggtt gggggttcag cagccggcgc 480
tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540
cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600
ggaatgcccg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660
ccggcacgcg accggggcga ccgcagatgg aaacggccga cgcgagctt cgttccctct 720
gcgaggcggg ttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgt gatgacaatc agctacttca 780
ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg ggcacagcga tgccggcgag cgccggcggca 840
ccgttgaaca ggctccgctc tcgcccgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900
ccggtccgga cgcagcggtc gagcaggac tcgcgggtat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960
ggaggcttgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctcccccttt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
ccaagcctca cggccgcgtc cggcctctct ggccgccttc tggcgcttt ccgcctccctc 1200
gctcaactgac tcgctgcgt cggtcgttcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cggttatcca cagaatcagg ggataacgcgaa gaaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaaa ggccgcgttg ctggcgttt tccataggct 1380
ccgccccccct gacgagcatc aaaaaatcg acgctaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataaccagg cgtttcccccc tggaaagctcc ctcgtgcgtc ctccctgttcc 1500
gaccctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgcttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggtatat ccaccccttt 1620

tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagttag gcccacccgc gagcggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttgcacactg gcggtgctca acggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gaggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggccgc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcatac aatggcgacc 2040
tggccgcctt gggccgcctg ctgaaactct ggctcaccga cgaccgcgc acggcgcgtt 2100
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagctt 2160
gcaaggatcat gatggcggtg gtccgcggc gggcagagcc atgactttt tagccgctaa 2220
aacggccggg gggcgccgt gattgccaag cacgtccccca tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcgccttgc 2340
gacgctcacc gggctggttt ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgcccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcggc gttgtggata 2460
cctcgccgaa aacttggccc tcactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgagggc 2520
cgactcaccgc ggccggcggt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggaa taagtgcctt gcggatttga cacttgaggg ggcgcactac 2700
tgacagatga gggcgccgt cttgacact tgagggcag agtgctgaca gatgagggc 2760
gcacctattt acatttgagg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggtt 2820

ccgcccgttt ttcggccacc gctaacctgt ctttaacct gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaaggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tcccgccccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc 3000
tgcgccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggcggcctg ccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cggggccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgcgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaatttggc cctttacaga attactctat gaagcgccat attaaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatac aagatatcgc cgtatgtaa gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcatggact aatgcttcaa acccaggaca ataacctt agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gtttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttgcgtcgat atatcgctt ctgattacgt 3840
gcagcttcc cttcaggcgg gattcataaca gcccgcagcc atccgtcatac catatcacca 3900
cgtcaaaggc tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgcgtggc 4020

gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgcgagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgccc aatgcgggc ttttgcggg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggc gcttaccggg ttgagaagcg gtgttaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagttag agcagagata gcgtatgt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cggcgttag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacaactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440
tggtttcaaa atcggctccg tcgataactat gtatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggtttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt gggtatctt taaatactgt agaaaaagagg aagggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggAACGG 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtggagg ccgatggcgt cctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctcttc actccatcga catatcgat tgcctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccattnaa agatccgcgc gagctgtatg atttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaaagagg aacttgcctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220

gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcggca caagtggtat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggataatcg gggaaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTtg acttactggg gatcaagcct gattgggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tgTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgtttgg ctctcaggcc gagggcccacg gcaagtatTT 5520
gggcaagggg tcgctggtat tcgtgcaggg caagattcg aataccaagt acgagaagga 5580
cgGCCAGACG gtctacggga ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggtaaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccc aggatgccga aaccatcgca agccgcaccc tcattgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttccagt ccgtcgctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcgcccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggccgcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccggca cacgatgcga gcgatgcca acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggc cgatcaatgg 6420

ccggattttac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta cagggcacgg cgatggcctt 6480
cacgtccgac cgcggtggc acctggaaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcgcccac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgctg gatcgattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cgcgaaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggc gaacacgcct gggtaatga 6840
tgacctggcatttgc aaac gctaggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgctc ggccgcgc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaatttgc tgattaaggc ttagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcgcc cctgaagaaa gctccagaga tgttcggcgc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggc tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gttttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gcgggcgttg cccgggggtt tattgctcgt gatgatcgctc 7380
cgacagatttcc caacggaaat ctgggtggatg cgcatttca tcctcggcgc acttaatatt 7440
tcgctatttct ggagcttggtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggcgg ggtcgccggc 7500
acggtaggcg ctgtcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggttagc 7560
ccgatacgtat tggatggcggt cctggggctt atttgcggaa ctgcggcggt ggccgttgc 7620

gtgttgacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctg cagcgggcct ggcggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggAAC cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccgt gcctctgctc 7740
acctttaccg cctggcaact ggccggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttagtg 7800
tttgcgtccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcg 7860
ctgatcggag cgggttaac ctacttcctt tgggtccggg ggatctcg 7920
acagttgtt ctttactggg ctttctcaggc cccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaaata gcgccactca gtttcctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgcgtaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccggc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtccgg 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgcccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgtttta atgtactggg gtggttttc tttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgcctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgc 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atgggtggttc cgaaatcg 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg 8820

tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaagg agcccccgat tttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaaag aaagcgaaag gagcggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggcctcttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagt 9120
aattaattcc catcttggaa gaaatatagt ttaaatattt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatacg tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtagcatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaatttgc gatatacgta gcttagctca tcggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgcgtcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtac caacgctatg tcctgatagc ggtccgccc acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcgccca tttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgccttgag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgcct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccc 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttgggtggc 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccc attgcattcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgtgc ctcgtccctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020

ttgacaaaaa gaaccggcg cccctgcgt gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccca gtcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctcccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atggaacgta 10260
agtggagcat ttttgcacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgactttga 10320
acgcgcataa atggtttctg acgtatgtc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
ttagtgtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg ctgtccccgc 10440
gtcatacgccg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgatc ttgatcccct 10500
gcgcgcatacag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gttcccaac 10560
cttaccagag ggccgcggcag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgcggc 10620
gtctagctat cgccatgtaa gcccactgca agctacctgc tttctcttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttac tacgtgttcc gttccctta gcagcccttg cgcgcggc 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgcgcggc 10860
atggccacta aacgtctaaa cccttgcata ttgttttgc tttactatgt gtgttatgt 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttgc actaaatttta taacacctt tatgctaac 10980
tttgcacaca ctttagcaatt tgcaagttga ttaatttgcatt ctaaatttattt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgt aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100
atcaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgtgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220

tttggagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta attttcaag aacaacaatgt 11280
taccacacac aagtttgag gtgcattcat ggatgccctg tgaaaagttt aaaaataattt 11340
tgaaaaatgat ttgcattggaa gccatgtgtaa accatgac atccacttgg aggtatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgtatgttatataatgagga 11460
tttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagtttta cacgattata atttcttcatt 11520
agccagcaga tctgccggca tcgatcccgg gccatggcct gcttaatga gatatgcgag 11580
acgcctatga tcgcattgata tttgctttca attctgttgtt gcacgttgcataaaacctga 11640
gcattgtgttag ctcagatcct taccgccccgt ttcggttcat tctaattaatatcacccg 11700
ttactatcgat atttttatga ataataattct ccgttcaatt tactgattgt ccgtcgacga 11760
gctcggcgcg cctctagagg atcgatgaat tcagatcggt tgagtggctc cttcaacgtt 11820
gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg ctgtcccgcc gtcatggcg ggggtcataa 11880
cgtgactccc ttaattctcc gtcattgatc agattgtcgat ttcccgccctt cagttaaac 11940
tatcagtgtt tgacaggata tattggcggt taaacctaag agaaaagagc gtttattttaga 12000
ataatcgat attttaaaagg gcgtgaaaag gtttattcctt cgtccatttg tatgtgcattg 12060
ccaaccacag ggttccccca 12079

<210> 41
<211> 13002
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit zwei
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 41

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcc 120

tagtggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccgg cagcaccggc 180

ataatcagggc cgatgcccac agcgtcgacg ggcacagtgc tcagaattac gatcagggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtataaaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgtatcc gtgcccgcct ggacctgttt aacgaggtcg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggAACGGTTT gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

ccggcacgcg accggggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgccgcgtt cgcttcctct 720

gcgaggcggg ttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgt gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg ggcacagcga tgccggcgag cgccggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgcgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggttc gagcaggac tcgcgggtat tgtcgtatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcggt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgttag acaacatccc ctcccccttt 1080

ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacggcctt ttcatgcctt gcccgtacgt 1140

ccaaggctca cggccgcgct cggcctctct ggccggcttc tggcgctctt ccgcgttcctc 1200
gctcaactgac tcgctgcgct cggtcggtcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgttt tccataggct 1380
ccgccccccct gacgagcata acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaaccgac 1440
aggactataa agataaccagg cgtttcccccc tggaagctcc ctcgtgcgct ctccctgtcc 1500
gaccctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcg tggcgcttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttcggatataat ccattcccttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaaggg ttctgttaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tccttcttca 1740
ctgtccctta ttgcacactg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgcccgg cgtaacagat gaggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcggtggac tatgagcacg tcccgagct ggccgcatac aatggcgacc 2040
tggccgcctt gggccgcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgccgt 2100
tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagctt 2160
gcaaggatcat gatggccgtg gtccgcccga gggcagagcc atgactttt tagccctaa 2220
aacggccggg gggtgccgt gattgccaag cacgtccccca tgcgtccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gccccttgc 2340

gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460
cctcgccgaa aacttggccc tcactgacag atgaggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcaccc ggccggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgtacgt 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggga taagtgcct gcggtattga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga gggcgcgat cttgacact tgagggcag agtgctgaca gatgagggc 2760
gcacctattt acattttaggg ggctgtccac aggcaaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgccccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttaaacct gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttggtt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaaggggg 2940
tgccccccct tctcgaaccc tccccggcccg ctaacgcggg cttccatcc cccaggggc 3000
tgcccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccccggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcagggtgctg gcatcgacat tcagcgcacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
gcggcctggg tggcggcctg cccttcaatt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cgccccccggc aatttttacc ttgggcattc ttggcatagt ggtcgccgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaattgga ctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctacccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatatacg aagatatcgc cgtatgtaaag gatttcaggg 3540

ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atggcaaag cataaaaact 3600
tgcatggact aatgcttcaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attggtaat gactccaact tattgatagt gtttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttgcgtgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagcttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggc tgacagcagg ctcataagac gcccccagcgt cgccatagtg cggtcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgccgagacg atgacgtcac 4080
tgcccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag tttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgcccc taatgcgggc ttttgcggg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg atttctggc gcgtaccggg ttgagaagcg gtgttgta actgcagtt 4260
ccatgtttta cggcagttag agcagagata gcgcgtatgt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cggcgttag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagt ggcagcatca cccataattg 4440
tggtttcaaa atcggctccg tcgataactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggttta gaatgcagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aagggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttaaaaaaac tgatgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaaggaaat gtctcctgct aaggtatata agctgggtggg agaaaatgaa 4740

aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ccttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctcttc actccatcga catatcgat tgcctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattt cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcggc caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggagaaca gtatgtcgag 5340
ctatttttt acttactggg gatcaagcct gattggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tgtttagta cctagatgtg gcgcaacgt gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcata agtgtttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
ggcaagggg tcgtggat tcgtgcagg caagattcg aataccaagt acgagaagga 5580
cgccagacg gtctacggg ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggg gggtaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaa gcatcaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgcgg aggatgccga aaccatcgca agccgcaccc tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa acttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacacg gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940

ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggccgcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta cagggcacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcggtggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcggc 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gtcgacgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgc cggcgcgc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattt tgattaaggc tcagattcga cggcttgag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggc cgtttacgag 7140

cacgaggaga aaaagccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgccctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccg gtatgctgct gcggggcggt ccggcgggtt tattgctcgatgatcg 7380
cgacagattc caacggaaat ctggtgatgc cgcatcttca tcctcgccgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttggtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctggcgctct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tggatggcggt cctggggct atttgcggaa ctgcggcg 7620
gtgttgcacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcg 7680
gtttccatgg cggtcgaaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccc cctggcaact ggcggccgga ggacttctgc tcgttccagt agcttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcg 7860
ctgatcgag cgggttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcg 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcgaa ctgcgggtcc cgcacgtgtt ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttt atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata ggcggactca gcttcctc 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcg cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgaa tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcg 8280
tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340

gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtccccga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgcccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgtttta atgtactggg gtggttttc ttttaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgc(cc)ca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccaactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttg acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcaactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggcctttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggtaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatattt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgtagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtaatac ataaattgat gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataaccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgcccac acccagccgg 9540

ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca tttccacca tgatattcg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcattgc gcgcctttag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgcgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcacccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggggcg cccctgcgc gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccc gtcatalog aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atggaacgta 10260
agtggagcat ttttgcacaa aatatattgc tagctgatag tgaccttagg cgactttga 10320
acgcgcacata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcatcggcg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcatgatc ttgatcccct 10500
gcgcacatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagtt actttgcagg gttcccaac 10560
cttaccagag ggcgcggccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccgccta 10620
gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacctgc tttcttttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740

actggcttc tacgtgttcc gttccctta gcagcccttg cgcctgagt gttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcacatgcctg caggtcgacg ggcgcggcag ctcctcgagc aaatttacac 10860
atgccacta aacgtctaaa ccctttaat ttgttttgtt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttgtt actaaattta taacaccctt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaaggta ttaattgatt ctaaatttatt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attnaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaacc attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgaggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta attttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagtttgag gtgcacatgc ggtgcacatgc tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcacatggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgttagtctat ataatgagga 11460
tttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagcccc ccgcgggtggg cggccgcctg cagtcttagaa ggccctcctgc tttaatgaga 11580
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgcttcaat tctgttgtgc acgtttaaaa 11640
aaacctgagc atgtgttagct cagatccctta cgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700
atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
gtcgagcaaa ttacacatt gccactaaac gtctaaaccc ttgttaatttgggtttttt 11820
actatgtgtg ttatgttattt gatttgcgtt aaatttttat atttggtaact aaatttataa 11880
cacctttat gctaacgttt gccaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940

aattatttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaat atttgcta 12000
atttctacta taggagaatt aaagttagtg aatatggta cacaagggtt ggagattta 12060
ttgttgcaat gctgcata gggcatatac accaaacatt caataattct tgaggata 12120
aatggta cacaagattt gaggtgcata aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag tttttaggtt catgcata ggcctgtgg 12240
aaagtttaaa aatatttgg aaatgatttgc catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
cacttggagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcata 12360
agtctataata atgaggattt tgcaataactt tcattcatac acactcata agtttacac 12420
gattataatt tcttcatacg cagcgatcc gatatcggtt ccgcgtacgt taaccctgct 12480
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gcttcaatt ctgttgca 12540
cgttgtaaaa aacctgagca tgtgttagctc agatccttac cgccggtttgc gtttattct 12600
aatgaatata tcacccgtta ctatcgattt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
tgattgtccg tcgacgaatt cgagctcgcc gcgcctctag aggatcgatc aattcagatc 12720
ggctgagtgg ctccatcaac gttgcgggttcc tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgcc 12780
cgcgcatcg gcgggggtca taacgtgact cccttaatttccgcgtatc atcagattgt 12840
cgtttccgc cttcagttta aactatcgt gtttgcagg atatattggc gggtaaacct 12900
aagagaaaag agcgtttatt agaataatcg gatattttaa agggcgtgaa aaggtttac 12960
cttcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca cagggttccc ca 13002

<210> 42

<211> 13905

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanzlicher Expressionsvektor mit drei
Promotor-Terminator-Expressionskassetten

<400> 42

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gcccgaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcat acagcgccag cagaatgcca 120

tagtggcggt tgacgtcgtt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccgg cagcaccggc 180

ataatcagggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgccgcct ggacctgtt aacgaggtcg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cgaaacgggtt gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcccgg cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

ccggcacgcg accggcgca ccgcagatgg aaacggccga cgccgagtt cgcttcctct 720

gcgaggcggtt ttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgct gatgacaatc agtacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg ggcacagcga tgccggcgag cgccggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgcccgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggttc gagcaggac tcgcgggtat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcgt tgtcaggaac gttgaaggac cgagaaaggg tgacgattga tcaggaccgc 1020

tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctccccctt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacgggcttt ttcatgcctt gccctagcgt 1140
ccaaggcctca cggccgcgct cggcctctct ggccgccttc tggcgctctt ccgccttcctc 1200
gctcactgac tcgctgcgct cggtcgttcg gctgcccga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcccc tccataggct 1380
ccgccccccct gacgagcattc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccccc tggaagctcc ctctgcgct ctccctgttcc 1500
gaccctgccc cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagcgt tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt ttccgtatccatccctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaagggtt ttcgtgtaga ctttccttgg tgtatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tccttcctca 1740
ctgtccctta ttgcacccgt gcggtgctca acggaaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccgg cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcacggg cgtcgtggac tatgagcacg tccgcgagct ggccgcattc aatggcgacc 2040
tggccgcctt gggccgcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgcgg 2100
tcgggtatgc cacgatccctc gccctgtcgg cgaagatcga agagaagcag gacgagctt 2160
gcaagggtcat gatgggcgtg gtccgcggc gggcagagcc atgactttt tagccctaa 2220

aacggccggg gggtgcgctg tattgccaag cacgtccccca tgctgcgtccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctgggtgaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttg ccctcgccgc tgggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgcccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460
cctcgcggaa aacttggccc tcactgacag atgaggggacg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcaccc ggccggcgt tgacagatga ggggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggaa taagtgcct gcggatttga cacttgaggg gcgcgactac 2700
tgacagatga gggcgcgat cttgacact tgagggcag agtgctgaca gatgagggc 2760
gcacctattt acatttgggg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgcccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttaaacctt gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaaaccc tcccgccccg ctaacgcggg cctcccatcc ccccaggggc 3000
tgcgccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccgggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtgagggcg 3180
cgccgcctggg tggccgcctg ccttcactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cgccgcctggc aatttttacc ttgggcattt cttggcatagt ggtgcgcgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtt ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaac gagaatttggaa cttttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420

ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgcccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatac ttttatatacg aagatatcgc cgtatgttaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaaact 3600
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataacctt agcttgtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttgcgtgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataaca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgcgacagc atgacgtcac 4080
tgcccggtcg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttgagg ccaacgccc taatgcgggc tgttgcccgg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggc gcttaccggg ttgagaagcg gtgttaatgtc actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagttag agcagagata ggcgtatgtt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc ccgtcagttag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440
tggtttcaaa atcggctccg tcgataactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa tttagttttt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aagggaaataa 4620

taaatggcta aaatgagaat atcaccggaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgtgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtccctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ctttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgttatgc ggagtgcac 4980
aggcttttc actccatcga catatcgat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattt cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatcaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaaaggagg aacttgtctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcggc caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg ggaaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatttttt acttactggg gatcaagcct gattggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tgtttagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcata agtgtttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
ggcaaggagg tcgtggat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaatg acgagaagga 5580
cgcccaagacg gtctacggga ccgacttcata tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggtaaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgcgg aggatgccga aaccatcgca agccgcacccg tcatgcgtgc 5820

gccccgcgaa accttccagt ccgtcggtc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggtccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggcggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgacccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgtc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc acttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggc cgatcaatgg 6420
ccgttattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcgttggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcggtct 6600
gttgctggc gaccactaca cgaaattcat atggagaag taccgcaagc tgtcgcccac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgg 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cggcgaagcc tgcgaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgc tttgcgtcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgc cggcgcgc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020

ttgacaattt tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggattc 7080
cgcgagatcc gattgtcgcc cctgaagaaa gctccagaga tggtcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcttaca tcgacggcga gatcatttgg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agccccaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcggtt tattgctcgt gatgatcg 7380
cgacagattt caacggaaat ctgggtggatg cgcatcttca tcctcggcgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttgg ttttatttcg gtctaccgccc tgccgggcgg ggtcgcccgg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggttagc 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctggggct atttgcggaa ctgcggcggt ggctgtgttg 7620
gtgttgcacac caaacgcagc gctagatctt gtcggcggtc cagcgggcct ggccggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggAAC cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttacccg cctggcaact ggccggccggaa ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcg 7860
ctgatcgag cgggttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcg 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg ggtcgatca gcccggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa ctgcgggtcc ccgacctgtt ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttt atatcgtaa cgttcacttc taaagaaata ggcggactca gcttcctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcgca cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220

tttgatcaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccgg gcagcttagt tgccgttctt cggaaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtccccga ctgatgggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgcccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgct 8520
gacgtttta atgtactggg gtgggttttc ttttaccagg tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcggca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttg atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccaactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgagggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttgc acggggaaag ccggcgaaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaag gagcgggcgc cattcaggct gcgcactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggccctttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttg ggttaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtgc 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatatattt attgataaaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatatt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtataac ataaattgtat gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaaacg 9360
agttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgcgtcgaa 9420

tcgggagcgg cgataaccgt aagcacgagg aagcggtca gcccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacggtagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgcac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc ggcgcctttag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtaacgtgc tcgctcgatg cgatgtttcg cttggtggtc gaatggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgcccgc attgcattcag ccattatggaa tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgccc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcaccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggcgcccctgc gacagccggaa acacggcgcc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgcccgtc gtcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctccatgg gcccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atggAACGTC 10260
agtggagcat ttttgcacaaag aaatatttgc tagctgatag tgacaccttggc cgactttga 10320
acgcgcaata atgggttctg acgtatgtgc tttagtcatt aaactccaga aacccggcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtccgc 10440
gtcattcgccg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gtcattgtatc ttgatcccct 10500
gcgcattcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560
cttaccagag ggcccccag ctggcaattc cggttcgctt gctgtccata aaaccggccca 10620

gtctagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacacctgc ttctcttttgcg 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttc tacgtgttcc gtttcctta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgccggag ctccctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgaat ttgttttgt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgc当地 ctttagcaatt tgcaaggta ttaattgatt ctaaatttatt tttgtttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgct aatatttcta ctataggaga 11100
attnaaggta gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggttttagta attttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagtttgag gtgcattgcat ggtatgccctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcattggaa gcatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggatgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgttgtctat ataatgagga 11460
tttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcgggtggg cggccgcctg cagtctagaa ggcctcctgc tttaatgaga 11580
tatgcgagac gcctatgatc gcatgatatt tgcttcaat tctgttgc acgttgtaaa 11640
aaacctgagc atgtgttagct cagatcctta ccgcgggttt cggttcattc taatgaatat 11700
atcacccgtt actatcgat ttttatgaat aatattctcc gttcaattta ctgattgtcc 11760
gtcgagcaaa tttacacatt gccaactaaac gtctaaaccc ttgtatgg tttttgtttt 11820

actatgtgtg ttatgttattt gatttgcgat aaatttttat atttggtact aaatttataa 11880
cacctttat gctaacgttt gccaaacactt agcaatttgc aagttgatta attgattcta 11940
aattatttt gtcttctaaa tacatatact aatcaactgg aaatgtaaat atttgctaat 12000
atttctacta taggagaatt aaagtgagtg aatatggta cacaaggaaa ggagattaa 12060
ttgttgcaat gctgcatgga tggcatatac accaaacatt caataattct tgaggataat 12120
aatggtacca cacaagattt gaggtgcatt aacgtcacgt ggacaaaagg tttagtaatt 12180
tttcaagaca acaatgttac cacacacaag tttttaggtg catgcatgga tgccctgtgg 12240
aaagtttaaa aatattttgg aaatgatttg catggaagcc atgtgtaaaa ccatgacatc 12300
cacttggagg atgcaataat gaagaaaact acaaatttac atgcaactag ttatgcatgt 12360
agtctatata atgaggattt tgcaataactt tcattcatac acactcacta agttttacac 12420
gattataatt tcttcatagc cagcgatcc gatatcgccc ccgctagcgt taaccctgct 12480
ttaatgagat atgcgagacg cctatgatcg catgatattt gcttcaatt ctgttgca 12540
cggtttaaaa aacctgagca tgtgttagctc agatccttac cgccggtttc gtttcattct 12600
aatgaatata tcacccgtta ctatcgattt tttatgaata atattctccg ttcaatttac 12660
tgattgtccg tcgagcaaattt tacacattt ccactaaacg tctaaaccct tgtaatttgt 12720
ttttgtttta ctatgtgtgt tatgtatttg atttgcgata aattttataa tttggtaacta 12780
aatttataac acctttatg ctaacgtttt ccaacactt gcaatttgcg agttgattaa 12840
ttgattctaa attatttttg tcttctaaat acatatactt atcaactggaa aatgtaaata 12900
tttgctataa tttctactat aggagaattt aagtgagtga atatggtaacc acaaggaaa 12960
gagatttaat ttttgcaatg ctgcatggat ggcataataca ccaaacattt aataattctt 13020

gaggataata atggtaccac acaagatttg aggtgcattga acgtcacgtg gacaaaaggt 13080
ttagtaattt ttcagaacaa caatgttacc acacacaagt tttgaggtgc atgcatggat 13140
gccctgtgga aagtttaaaa atattttggaa aatgatttgc atggaagccaa tgtgtaaaac 13200
catgacatcc acttggagga tgcaataatg aagaaaacta caaatttaca tgcaactagt 13260
tatgcatgta gtctatataa tgaggatttt gcaatacttt cattcataca cactcactaa 13320
gttttacacg attataattt ctccatagcc agcagatctg ccggcatcga tcccgggcca 13380
tggcctgctt taatgagata tgcgagacgc ctatgatcgc atgatatttgc cttcaattt 13440
tgttgtgcac gttgtaaaaa acctgagcat gtgttagctca gatccttacc gccggttcg 13500
gttcattctta atgaatataat caccgttac tatcgatattt ttatgaataa tattctccgt 13560
tcaatttact gattgtccgt cgacgagctc ggccgcgcctc tagaggatcg atgaattcag 13620
atcggctgag tggctccttc aacgttgcgg ttctgtcagt tccaaacgtaa aacggcttg 13680
tccccgtca tcggcgaaaa tcataacgtg actcccttaa ttctccgcctc atgatcagat 13740
tgtcgttcc cgcccttcagt ttaaactatc agtgtttgac aggatataattt ggccggtaaa 13800
cctaagagaa aagagcgttt attagaataa tcggatattt aaaagggcgt gaaaagggttt 13860
atccttcgtc catttgcattt tgcatgccaa ccacagggtt cccca 13905

<210> 43
<211> 15430
<212> DNA
<213> Unknown

<220>
<223> pflanz. Expressionsvektor mit zwei Promotor-
Terminator-Expressionskassetten inseriert ist

Physcomitrella patens Elongase und Desaturase

<220>

<221> CDS

<222> (11543)..(12415)

<220>

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<400> 43

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gccccaaacg atccgacacgc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcca 120

tagtgggcgg tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggccgg cagcacccggc 180

ataatcagggc cgatgccgac agcgtcgagc gcgcacagtgc tcagaattac gatcaggggt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaaa gtgtcaagca 360

tgacaaagtt gcagccgaat acagtgtatcc gtgccgcctt ggacctgttg aacgaggctg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggAACGGTTT gggggttcag cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcgggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cgaggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaaatgcccc cagtttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcacccatg 660

ccggcacgcg accggggcga ccgcagatgg aaacggccga cgccgcagctt cgcttcctct 720

gcgaggcggg ttttcggcc ggggacgccc tcaatgcgc tgcgcgc 780

ctgttggggc cgtgcggtag gagcaggccg gcgcacagcga tgccggcgag cgccggcggca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgcccgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900

ccggtccgga cgca~~cg~~gttc gagcagggac tcgcggatgtatggat ttggcgaaaa 960
ggaggctcg~~t~~ tgc~~tg~~aggaac gttgaaggac cgagaaagg~~gg~~ tgacgattga tcaggaccgc 1020
tgccggagcg caacccactc actacagcag agccatgtag acaacatccc ctccccctt 1080
ccaccgcgtc agacgcccgt agcagccgc tacggcttt ttcatgccct gccctagcgt 1140
ccaaggctca cggccgcgct cggcctctct ggccggcttc tggcgctt ccgcttcctc 1200
gctca~~c~~t~~g~~ac~~t~~ tcgctgcgct cgg~~t~~cg~~t~~tcg gctgcggcga gcggtatcag ctcactcaaa 1260
ggcggtataa cgg~~t~~tatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaaa ggccgcgttg ctggcg~~t~~ttt tccataggct 1380
ccgccccct gacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaacccgac 1440
aggactataa agataccagg cgtttcccccc tggaa~~g~~ctcc ctcgtgcgct ctcc~~t~~gttcc 1500
gaccctgccg cttaccggat acctgtccgc ctttctccct tcgggaagc~~g~~ tggcgctttt 1560
ccgctgcata accctgcttc ggggtcatta tagcgatttt tt~~c~~gg~~t~~tat~~a~~at ccattctttt 1620
tcgcacgata tacaggattt tgccaaagg~~g~~ ttcgtgt~~a~~ga ctttc~~c~~ttgg t~~g~~tatccaac 1680
ggcgtcagcc gggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgt tc~~c~~ttcttca 1740
ctgtccctta tt~~c~~gcac~~c~~tgc g~~c~~gg~~t~~gctca acgg~~g~~atcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccgccc~~g~~ cgtaacagat gagggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagccc acctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagc~~g~~ attgaggaaa 1920
aggcggcggc ggccggcatg agcctgtcgg cctacctgct ggccgtcggc cagggctaca 1980
aaatcac~~g~~gg cg~~t~~cgtggac tatgagc~~a~~cg tccgc~~g~~agct ggccgc~~a~~tcc aatggcgacc 2040
tggccgcct gggggcctg ctgaaactct ggctcaccga cgacccgcgc acggcgc~~g~~gt 2100

tcggtgatgc cacgatcctc gccctgctgg cgaagatcg a gagaagcag gacgagctt 2160
gcaaggcat gatggcggt gtccgcccga gggcagagcc atgactttt tagccgctaa 2220
aacggccggg gggtgcggt gattgccaag cacgtcccc tgcgctccat caagaagac 2280
gacttcgcgg agctggtaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga gcgcctttgc 2340
gacgctcacc gggctggttt ccctcgccgc tggctggcg gccgtctatg gccctgcaaa 2400
cgcgccagaa acgcccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcccggc gttgtggata 2460
cctcgcggaa aacttggccc tcactgacag atgagggggcg gacgttgaca cttgaggggc 2520
cgactcaccc ggccggcggt tgacagatga gggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgcctgattt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctgggaa taagtgcctt gcggatttga cacttgagg ggcgcactac 2700
tgacagatga gggcgcgat cttgacact tgagggggcag agtgcgtaca gatgaggggc 2760
gcacctattt acatttgggg ggctgtccac aggcagaaaa tccagcattt gcaagggtt 2820
ccgcccgtt ttcggccacc gctaaccgtt cttaacccctt gctttaaac caatattt 2880
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgcctt gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaaggggg 2940
tgccccccctt tctcgaaaccc tccccggcccg ctaacgcggg cctccatcc ccccgagggc 3000
tgcgccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtcccttgcca 3060
ttgccggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccgggc agtggggcg 3180
gcggcctggg tggcgccctg cccttactt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cggggccggc aattttacc ttggcattc ttggcatagt ggtgcgggt gccgtgctcg 3300

tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgagggtg ataggtaaga ttataccgag 3360
gtatgaaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatc ttttatata tag aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atggcaaag cataaaaact 3600
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataacctt atgcttggtaaa ttctatcata 3660
attgggtaat gactccaact tattgatagt gttttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgctt ctgattacgt 3840
gcagctttcc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgccgacacg atgacgtcac 4080
tgccccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgcccc taatgcgggc tgttgccccg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggc gcgtaccggg ttgagaagcg gtgttaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagttag agcagagata ggcgtatgt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cggcagttag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440
tggtttcaaa atcggctccg tcgataactat gttatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500

aaaagctgtt ttctggatt taaggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560
cttgttataa ttagcttctt gggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aacctatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggaacgg 4800
gaaaaggaca ttagtctatg gctggaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ccttgctcg 4920
gaagagtatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggcttttc actccatcga catatcgat tgcctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattt cggaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaaagagg aacttgcctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtgaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgga caagtggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg gggagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTG acttactgg gatcaagcct gattggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tggatgtt cctagatgtg ggcgcacat gcccgcaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcata agtgtttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
ggccaagggg tcgctggat tcgtgcaggg caagattcg aataccaatg acgagaagga 5580
cgcccgacg gtctacggg ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggg gggtaaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700

cccgcaaggaa gggtaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760
cgacgcgggg tttccgccc aggatgccga aaccatcgca agccgcacccg tcacgcgtgc 5820
gccccgcgaa acttccagt ccgtcggctc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatcggccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctgcAACAGG aggccggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgacccaaga agcgaaaaac cgccggcgag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgtcacca cgcgaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgca cccctatcgg 6360
cgagccgatc acttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctgggctggt cgatcaatgg 6420
ccggtattac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgcacgg cgatggctt 6480
cacgtccgac cgcggtggc acctggaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gtttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgtcggcgc 6660
ggcccgacgg atgttcgact attcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc cacccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cgcgaaagcc tgcgaaagagt tgcgaggcag cggcctggtg gaacacgcct gggtaatga 6840
tgacctggtg cattgcaaac gctagggcct tgtgggtca gttccggctg ggggttcagc 6900

agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgca cttgcttcgc 6960
tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggattc 7080
cgcgagatcc gattgtcgcc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgtttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcggtc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agcccgaaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gcgggcgttg cggcggtt tattgctcgt gatgatcgctc 7380
cgacagattc caacggaat ctggtggtg cgcattttca tcctcgccgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttgtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccggccgg ggtcgccggcg 7500
acggtaggcn ctgtcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgat tgatggcggt cctggggct atttgcggaa ctgcggcggt ggcgctgttg 7620
gtgttgcacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggaac cgtgctgacc cgcaagtggc aacctccgt gcctctgctc 7740
acctttaccc cctggcaact ggccggccggaa ggacttctgc tcgttccagt agcttttagtg 7800
tttgatccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcgcc 7860
ctgatcgagc cgggttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg gggtcgatca gccggggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttt atatcgtaa cgttcaacttc taaagaaata ggcgcactca gtttcctcag 8100

cggctttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160
cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgga tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgcatacaca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccggc gcagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgcctta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgccggtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgcg 8520
gacgtttta atgtactggg gtgggttttc tttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gtttgcggca 8640
gcaggcgaaa atccgttttgcg atgggtggttc cgaaatcgcc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagtttg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagcttgc acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaag aaagcgaaaag gagcgggcgc cattcaggct ggcgaactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggccttttcg ctattacgccc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagtttgcg ggttaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catcttgaaa gaaatatagt ttaaatattt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaagcaaa aacataaatt tattgatgca agtttaaatt cagaaatattt 9240
tcaataactg attatatcag ctggcacatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300

tgtgtaatac ataaatttgc gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360
agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggtac caacgctatg tcctgatagc ggtccgcccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcgcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc gcgcctttag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgtct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgttgc cttggtggtc gaatggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccggcgc attgcattcg ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgc acacgtcgagc acagctgcgc aaggAACGCC CGTCGTGGCC 9960
agccacgata gcccgcgtgc ctcgtcctgc agttcattca gggcacccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggcgccc cccctgcgt gacagccgga acacggcgac atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccc gtcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttgc ttcaatccaa gctccatgg gcccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atggAACGTC 10260
agtggagcat ttttgcacaa aatatttgc tagctgatag tgacaccttgg cgactttga 10320
acgcgcacata atgggttctg acgtatgtgc tttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
tgagtggttc cttcaacgtt gcgggtctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440
gtcatcgccg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgatc ttgatcccc 10500

gcgccatca gatccttggcg gcaagaaaagc catccagttt actttgcagg gcttccaaac 10560
cttaccagag ggcccccag ctggcaattc cggtcgctt gctgtccata aaaccgcccc 10620
gtcttagctat cgccatgtaa gcccaactgca agctacacctgc tttctctttg cgcttgcgtt 10680
ttcccttgc cagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtcagcacc gtttctgcgg 10740
actggcttc tacgtgttcc gcttcctta gcagcccttg cgccctgagt gcttgcggca 10800
gcgtgaagct tgcatgcctg caggtcgacg gcgccggag ctcctcgagc aaatttacac 10860
attgccacta aacgtctaaa cccttgcata ttgttttgtt tttactatgt gtgttatgta 10920
tttgatttgc gataaatttt tatatttggt actaaattta taacaccttt tatgctaacg 10980
tttgccaaca cttagcaatt tgcaagttga ttaatttgcattt ctaaatttattt tttgtcttct 11040
aaatacatat actaatcaac tggaaatgta aatatttgc aatatttcta ctataggaga 11100
ataaaagtga gtgaatatgg taccacaagg tttggagatt taattgttgc aatgctgcat 11160
ggatggcata tacaccaaacc attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaga 11220
tttgagggtgc atgaacgtca cgtggacaaa aggtttagta attttcaag acaacaatgt 11280
taccacacac aagtttgag gtgcattgtcat ggatgcctg tggaaagttt aaaaatattt 11340
tggaaatgat ttgcattggaa gccatgtgta aaaccatgac atccacttgg aggtgcaat 11400
aatgaagaaa actacaaatt tacatgcaac tagttatgca tgttagtctat ataatgagga 11460
tttgcaata ctttcattca tacacactca ctaagttta cacgattata atttcttcat 11520
agccagccca ccgcgggtgga aa atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag 11572
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu
1 5 10
ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620

Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe
15 20 25

ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt 11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val
30 35 40

gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att 11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile
45 50 55

gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc 11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg
60 65 70

gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg 11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu
75 80 85 90

tcc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag 11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln
95 100 105

gct att acc tgg cggt tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa 11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys
110 115 120

cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac 11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr
125 130 135

gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg 12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg
140 145 150

caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att 12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile
155 160 165 170

tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct 12100

170

Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser
 175 180 185

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
 Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
 190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
 Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
 205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
 Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
 220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
 Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
 235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
 Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
 255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
 Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
 270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctcctgctt 12435
 Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
 285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaaaa cctgagcatg tgttagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccgttact atcgtatttt tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaacccttg taatttgttt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaa ttttatatt tggtaactaaa 12735

tttataacac ctttatgct aacgttgcc aacacttagc aatttgcagg ttgattaatt 12795
gattctaaat tattttgtc ttctaaatac atatactaat caactggaaa tgtaaatatt 12855
tgctaataatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggttgga 12915
gatttaattt ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975
ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcattgaac gtcacgtgga caaaagggtt 13035
agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagtt tgaggtgcatt gcatggatgc 13095
cctgtggaaa gttaaaaat atttggaaa tgatttgcatt ggaagccatg tgtaaaacca 13155
tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtt 13215
tgcatgttgt ctatataatg aggatttgc aatactttca ttcatacaca ctcactaagt 13275
tttacacgat tataatttct tcatagccag cgatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330
Met Val Phe Ala Gly Gly
295
gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378
Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile
300 305 310
gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426
Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr
315 320 325
gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474
Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr
330 335 340 345
agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522
Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala
350 355 360
gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570

Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala
365 370 375

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag 13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys
380 385 390

tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat 13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp
395 400 405

tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg 13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala
410 415 420 425

gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac 13762
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp
430 435 440

ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att 13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile
445 450 455

ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca 13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro
460 465 470

gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag 13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu
475 480 485

caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg 13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr
490 495 500 505

aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag 14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys
510 515 520

act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc 14050

Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe
525 530 535

caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt 14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe
540 545 550

gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc 14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala
555 560 565

gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat 14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His
570 575 580 585

cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa 14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu
590 595 600

gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc 14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala
605 610 615

aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg 14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu
620 625 630

ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg 14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp
635 640 645

agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg 14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu
650 655 660 665

ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca 14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr
670 675 680

gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg 14530

Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val

685

690

695

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578

Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser

700

705

710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626

His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala

715

720

725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674

Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp

730

735

740

745

tcc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722

Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr

750

755

760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770

Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe

765

770

775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818

Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly

780

785

790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866

Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala

795

800

805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgtaa accctgcttt aatgagatat 14920

Glu Gln His Ala Thr Thr Ser

810

815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatatttgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg tgttagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa tgaatatatc 15040

acccgttact atcgatattt tatgaataat attctccgtt caatttactg attgtccgtc 15100

gacgaattcg agctcggcgc gcctctagag gatcgatgaa ttcagatcg ctgagtggct 15160
ccttcaacgt tgcggttctg tcagttccaa acgtaaaacg gcttgtcccg cgtcatggc 15220
gggggtcata acgtgactcc ctttaattctc cgctcatgat cagattgtcg tttccgcct 15280
tcagttaaa ctatcagtgt ttgacaggat atattggcgg gtaaacctaa gagaaaagag 15340
cgtttattag aataatcgga tattttaaag ggcgtgaaaa ggtttatcct tcgtccattt 15400
gtatgtgcat gccaaaccaca gggttccccca 15430

<210> 44
<211> 290
<212> PRT
<213> Unknown

<400> 44

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 45

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 45

Met Val Phe Ala Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn

1

5

10

15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe

20

25

30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln

35

40

45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala

50

55

60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly

65

70

75

80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg

85

90

95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val

100

105

110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr

115

120

125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser

130

135

140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala

145

150

155

160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu

165

170

175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg

180

185

190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly

179

405

410

415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
485 490 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
515 520 525

<210> 46

<211> 17752

<212> DNA

<213> Unknown

<220>

<223> pflanz. Expressionsvektor mit 3
Promotor-Terminator- Expressionskassetten
inseriert mit Physcomitrella Elongase + Desaturase
+ Phaeodactylum Desaturase

<220>

<221> CDS

<222> (11543) .. (12415)

<220>

<221> CDS

<222> (13313)..(14890)

<220>

<221> CDS

<222> (15791)..(17200)

<400> 46

gatctggcgc cggccagcga gacgagcaag attggccgcc gccccaaacg atccgacagc 60

gcgcccagca caggtgcgca ggcaaattgc accaacgcac acagcgccag cagaatgcca 120

tagtggcggt tgacgtcggt cgagtgaacc agatcgcgca ggaggcccg cagcacccggc 180

ataatcaggc cgatgccgac agcgtcgagc ggcacagtgc tcagaattac gatcagggtt 240

atgttgggtt tcacgtctgg cctccggacc agcctccgct ggtccgattt aacgcgcgga 300

ttctttatca ctgataagtt ggtggacata ttatgtttat cagtgataaa gtgtcaagca 360

tgacaaaagtt gcagccgaat acagtgatcc gtgcgcgcct ggacctgttg aacgagggtcg 420

gcgttagacgg tctgacgaca cgcaaactgg cggAACGGTTT cagccggcgc 480

tttactggca cttcaggaac aagcggcgc tgctcgacgc actggccgaa gccatgctgg 540

cggagaatca tacgcattcg gtgccgagag ccgacgacga ctggcgctca tttctgatcg 600

ggaatgcgcgc cagcttcagg caggcgctgc tcgcctaccg cgatggcgcg cgcatccatg 660

ccggcacgcg accggggcga ccgcagatgg aaacggccga cgccgcgcctt cgcttcctct 720

gcgaggcggtt ttttcggcc gggacgccc tcaatgcgcgt gatgacaatc agctacttca 780

ctgttggggc cgtgcttgag gagcaggccg ggcacagcga tgccggcgag cgccggcgca 840

ccgttgaaca ggctccgctc tcgcgcgtgt tgccggccgc gatagacgcc ttgcacgaag 900

ccggtccgga cgcagcggttc gagcaggac tcgcgggtat tgtcgatgga ttggcgaaaa 960

ggaggctcggtgtcaggaac gttgaaggac cgagaaagggtgacgattgatcaggaccgc 1020
tgccggagcgcaaccactactacagcag agccatgttagacaacatcccctccccctt 1080
ccaccgcgtcagacgcccgtagcagccgc tacgggcttttcatgcctgcctagcgt 1140
ccaaggctca cggccgcgtccggctctctggcggcttc tggcgctcttccgcttcctc 1200
gctcactgactcgctcggtcggtcg gctgcggcga gcggtatcagctcactcaaa 1260
ggcggtataatacggttatcca cagaatcagg ggataacgca ggaaagaaca tgtgagcaaa 1320
aggccagcaa aaggccagga accgtaaaaa ggccgcgttg ctggcgcccccttccataggct 1380
ccgccccccctgacgagcatc acaaaaatcg acgctcaagt cagaggtggc gaaaccgcac 1440
aggactataa agataaccagg cgtttcccccttggaaagctccctcggtcgctctcgttcc 1500
gaccctgccccttaccggatacctgtccgc ctttctcccttcgggaagcg tggcgctttt 1560
ccgctgcataaccctgcttc ggggtcatta tagcgattttttcggatatccatcctttt 1620
tcgcacgata tacaggattttgccaagggttgcgtgtaga ctttccttggtgtatccaac 1680
ggcgtagccggcaggata ggtgaagtag gcccacccgc gagcgggtgttccttc 1740
ctgtccctta ttgcacactg gcggtgctca acgggaatcc tgctctgcga ggctggccgg 1800
ctaccggccggcgtaacagat gaggcaagc ggatggctga tgaaaccaag ccaaccagga 1860
agggcagcccacctatcaag gtgtactgcc ttccagacga acgaagagcg attgaggaaa 1920
aggcggcggcggcggccatg agcctgtcgg cctacactgctggccgtcggc cagggtacaca 1980
aaatcacggcgatcgatggac tatgagcactg tccgcgagctggccgtcggc aatggcgacc 2040
tggggccgccttggcggcctgtctggaaactctggctcaccga cggccgcgcacggcggt 2100
tcgggtatgc cacgatcctc gcccgtctgg cgaagatcga agagaagcag gacgagcttg 2160

gcaaggcat gatggcggtg gtccgcga gggcagagcc atgactttt tagccgctaa 2220
aacggccggg gggtgcggt gattgccaag cacgtcccc tgcgctccat caagaagagc 2280
gacttcgcgg agctggtaa gtacatcacc gacgagcaag gcaagaccga ggcgccttgc 2340
gacgctcacc gggctggttt ccctcgccgc tggctggcg gccgtctatg gcccgtcaaa 2400
cgccgcagaa acgccgtcga agccgtgtgc gagacaccgc ggccgcggc gttgtggata 2460
cctcgccggaa aacttggccc tcactgacag atgagggcg gacgttgaca cttgagggc 2520
cgactcaccc ggccggcgt tgacagatga gggcaggct cgatttcggc cggcgacgtg 2580
gagctggcca gcctcgcaaa tcggcgaaaa cgccgtatt tacgcgagtt tcccacagat 2640
gatgtggaca agcctggggta aagtgcct gcggtattga cacttgaggg ggcgcactac 2700
tgacagatga gggcgcgat cttgacact tgagggcgag agtgctgaca gatgagggc 2760
gcacctattt acatttgagg ggctgtccac aggcaaaaa tccagcattt gcaagggttt 2820
ccgccccgttt ttccggccacc gctaacctgt cttaacctt gctttaaac caatatttat 2880
aaaccttgtt tttaaccagg gctgcgcct gtgcgcgtga ccgcgcacgc cgaagggggg 2940
tgccccccct tctcgaaaccc tcccgccccg ctaacgcggg cctccatcc cccaggggc 3000
tgcgccccctc ggccgcgaac ggcctcaccc caaaaatggc agcgctggca gtccttgcca 3060
ttgccccggat cggggcagta acgggatggg cgatcagccc gagcgcgacg cccggaagca 3120
ttgacgtgcc gcaggtgctg gcatcgacat tcagcgacca ggtgccggc agtgagggcg 3180
gcggccctggg tggccggctg cccttcaatt cggccgtcgg ggcattcacg gacttcatgg 3240
cgccccggc aatttttacc ttgggcattt ttggcatagt ggtcgccgggt gccgtgctcg 3300
tgttcggggg tgcgataaac ccagcgaacc atttgaggtg ataggtaaga ttataccgag 3360

gtatgaaaac gagaattgga cctttacaga attactctat gaagcgccat atttaaaaag 3420
ctaccaagac gaagaggatg aagaggatga ggaggcagat tgccttgaat atattgacaa 3480
tactgataag ataatatatac ttttatatacg aagatatcgc cgtatgtaag gatttcaggg 3540
ggcaaggcat aggcagcgcg cttatcaata tatctataga atgggcaaag cataaaaact 3600
tgcatggact aatgcttgaa acccaggaca ataaccttat agcttgtaaa ttctatcata 3660
attggtaat gactccaact tattgatagt gtttatgtt cagataatgc ccgatgactt 3720
tgtcatgcag ctccaccgat tttgagaacg acagcgactt ccgtcccagc cgtgccaggt 3780
gctgcctcag attcaggtta tgccgctcaa ttcgctgcgt atatcgcttg ctgattacgt 3840
gcagcttc cttcaggcgg gattcataca gcggccagcc atccgtcatc catatcacca 3900
cgtcaaaggg tgacagcagg ctcataagac gcccccagcgt cgccatagtg cgttcaccga 3960
atacgtgcgc aacaaccgtc ttccggagac tgtcatacgc gtaaaacagc cagcgctggc 4020
gcgatttagc cccgacatag ccccactgtt cgtccatttc cgcgacagac atgacgtcac 4080
tgccccggctg tatgcgcgag gttaccgact gcggcctgag ttttttaagt gacgtaaaat 4140
cgtgttggagg ccaacgccc taatgcgggc ttttgcggg catccaacgc cattcatggc 4200
catatcaatg attttctggc gcgtaccggg ttgagaagcg gtgttaagtga actgcagttg 4260
ccatgtttta cggcagttag agcagagata gcgcgtatgt ccggcggtgc ttttgcgtt 4320
acgcaccacc cgtcagtag ctgaacagga gggacagctg atagacacag aagccactgg 4380
agcacctcaa aaacaccatc atacactaaa tcagtaagtt ggcagcatca cccataattg 4440
tggtttcaaa atcggtccg tcgatactat gtatacgcc aactttgaaa acaactttga 4500
aaaagctgtt ttctggatt taaggttta gaatgcaagg aacagtgaat tggagttcgt 4560

cttggttataa ttagcttctt ggggtatctt taaatactgt agaaaagagg aaggaaataa 4620
taaatggcta aaatgagaat atcacccgaa ttgaaaaaac tgatcgaaaa ataccgctgc 4680
gtaaaaagata cggaaggaat gtctcctgct aaggtatata agctggtggg agaaaatgaa 4740
aaccttatatt taaaaatgac ggacagccgg tataaaggga ccacctatga tgtggAACGG 4800
gaaaaggaca tgatgctatg gctggaaagga aagctgcctg ttccaaaggt cctgcacttt 4860
gaacggcatg atggctggag caatctgctc atgagtgagg ccgatggcgt ccttgctcg 4920
gaagagttatg aagatgaaca aagccctgaa aagattatcg agctgtatgc ggagtgcac 4980
aggctcttc actccatcga catatcgat tgtccctata cgaatagctt agacagccgc 5040
ttagccgaat tggattactt actgaataac gatctggccg atgtggattg cgaaaactgg 5100
gaagaagaca ctccatttaa agatccgcgc gagctgtatg attttttaaa gacggaaaag 5160
cccgaagagg aacttgtctt ttcccacggc gacctggag acagcaacat ctttgtaaa 5220
gatggcaaag taagtggctt tattgatctt gggagaagcg gcagggcgg acaatggat 5280
gacattgcct tctgcgtccg gtcgatcagg gaggatatcg ggaaagaaca gtatgtcgag 5340
ctatTTTTG acttactgg gatcaaggct gattggaga aaataaaata ttatattta 5400
ctggatgaat tgTTTtagta cctagatgtg gcgcaacgat gccggcgaca agcaggagcg 5460
caccgacttc ttccgcatca agtgtttgg ctctcaggcc gaggcccacg gcaagtattt 5520
gggcaagggg tcgctggat tcgtgcaggg caagattcgg aataccaagt acgagaagga 5580
cgGCCAGACG gtctacggc ccgacttcat tgccgataag gtggattatc tggacaccaa 5640
ggcaccaggc gggtaaaatc aggaataagg gcacattgcc ccggcgtgag tcggggcaat 5700
cccgcaagga gggtaatga atcggacgtt tgaccggaag gcatacaggc aagaactgat 5760

cgacgcgggg ttttccgccc aggatgccga aaccatcgca agccgcaccc tcatgcgtgc 5820
gccccgcgaa accttcagg ctggccgtc gatggtccag caagctacgg ccaagatcga 5880
gcgcgacagc gtgcaactgg ctccccctgc cctgcccgcg ccatacgccg ccgtggagcg 5940
ttcgcgtcgt ctcgaacagg aggccggcagg tttggcgaag tcgatgacca tcgacacgcg 6000
aggaactatg acgaccaaga agcgaaaaac cgccggcggag gacctggcaa aacaggtcag 6060
cgaggccaag caggccgcgt tgctgaaaca cacgaagcag cagatcaagg aaatgcagct 6120
ttccttgttc gatattgcgc cgtggccgga cacgatgcga gcgatgccaa acgacacggc 6180
ccgctctgcc ctgttcacca cgcgcaacaa gaaaatcccg cgcgaggcgc tgcaaaacaa 6240
ggtcattttc cacgtcaaca aggacgtgaa gatcacctac accggcgtcg agctgcgggc 6300
cgacgatgac gaactggtgt ggcagcaggt gttggagtac gcgaagcgcac cccctatcgg 6360
cgagccgatc accttcacgt tctacgagct ttgccaggac ctggctggc cgatcaatgg 6420
ccggatttac acgaaggccg aggaatgcct gtcgcgccta caggcgacgg cgatgggctt 6480
cacgtccgac cgcggtggc acctggaaatc ggtgtcgctg ctgcaccgct tccgcgtcct 6540
ggaccgtggc aagaaaacgt cccgttgcca ggtcctgatc gacgaggaaa tcgtcgtgct 6600
gttgctggc gaccactaca cgaaattcat atgggagaag taccgcaagc tgcgcgcac 6660
ggcccgacgg atgttcgact atttcagctc gcaccggag ccgtacccgc tcaagctgga 6720
aaccttccgc ctcatgtgcg gatcgattc caccgcgtg aagaagtggc gcgagcaggt 6780
cgcgaaagcc tgcaagagt tgcgaggcag cggcctggc gAACACGCTTGGTCA GGGTCAATGA 6840
tgacctggcgt cattgcaaac gcttagggcct tgtggggtca gttccggctg ggggttcagc 6900
agccagcgct ttactggcat ttcaggaaca agcgggcact gctcgacgcac cttgcttcgc 6960

tcagtatcgc tcgggacgca cggcgcgctc tacgaactgc cgataaacag aggattaaaa 7020
ttgacaattg tgattaaggc tcagattcga cggcttggag cggccgacgt gcaggatttc 7080
cgcgagatcc gattgtcggc cctgaagaaa gctccagaga tgttcgggtc cgttacgag 7140
cacgaggaga aaaagcccat ggaggcgttc gctgaacggt tgcgagatgc cgtggcattc 7200
ggcgcctaca tcgacggcga gatcattggg ctgtcggtct tcaaacagga ggacggcccc 7260
aaggacgctc acaaggcgca tctgtccggc gtttcgtgg agcccgaaca gcgaggccga 7320
ggggtcgccc gtatgctgct gcgggcgttg ccggcgggtt tattgctcgt gatgatcgctc 7380
cgacagattc caacggaaat ctggtggtatc cgcatcttca tcctcggcgc acttaatatt 7440
tcgctattct ggagcttgtt gtttatttcg gtctaccgcc tgccgggccc ggtcgcggcg 7500
acggtaggcg ctgtgcagcc gctgatggtc gtgttcatct ctgcccgtct gctaggtagc 7560
ccgatacgtat tgatggcggt cctggggct atttgcggaa ctgcggcggt ggcgctgttg 7620
gtgttgcacac caaacgcagc gctagatcct gtcggcgctc cagcgggcct ggcggggcg 7680
gtttccatgg cgttcggAAC cgtgctgacc cgcaagtggc aacctcccggt gcctctgctc 7740
acctttacccg cctggcaact ggccggccggaa ggacttctgc tcgttccagt agcttagtg 7800
tttgcgtccgc caatcccgat gcctacagga accaatgttc tcggcctggc gtggctcgcc 7860
ctgatcggag cgggttaac ctacttcctt tggttccggg ggatctcgcg actcgaacct 7920
acagttgttt ctttactggg ctttctcagc cccagatctg gggtcgatca gcccgggatg 7980
catcaggccg acagtcggaa cttcgggtcc ccgacctgta ccattcggtg agcaatggat 8040
aggggagttg atatcgtaa cgttcacttc taaagaaaata gcgccactca gcttcctcag 8100
cggtttatc cagcgatttc ctattatgtc ggcatagttc tcaagatcga cagcctgtca 8160

cggttaagcg agaaatgaat aagaaggctg ataattcgg a tctctgcgag ggagatgata 8220
tttgcataca ggcagcaacg ctctgtcatc gttacaatca acatgctacc ctccgcgaga 8280
tcatccgtgt ttcaaaccgg cagcttagt tgccgttctt ccgaatagca tcggtaacat 8340
gagcaaagtc tgccgccta caacggctct cccgctgacg ccgtcccgga ctgatggct 8400
gcctgtatcg agtggtgatt ttgtgccgag ctgcccgtcg gggagctgtt ggctggctgg 8460
tggcaggata tattgtggtg taaacaaatt gacgcttaga caacttaata acacattgct 8520
gacgaaaaat atgtactggg gtgggttttc tttcaccag tgagacgggc aacagctgat 8580
tgcccttcac cgccctggccc tgagagagtt gcagcaagcg gtccacgctg gttgccccca 8640
gcaggcgaaa atcctgtttt atggtggttc cgaaatcggc aaaatccctt ataaatcaaa 8700
agaatagccc gagatagggt tgagtgttgt tccagttgg aacaagagtc cactattaaa 8760
gaacgtggac tccaaacgtca aaggcgaaa aaccgtctat cagggcgatg gcccactacg 8820
tgaaccatca cccaaatcaa gtttttggg gtcgaggtgc cgtaaagcac taaatcgaa 8880
ccctaaaggg agcccccgat ttagagctt acggggaaag ccggcgaacg tggcgagaaa 8940
ggaagggaaag aaagcgaaaag gagcggcgac cattcaggct ggcgaactgt tgggaaggc 9000
gatcggtgcg ggcccttcg ctattacgcc agctggcgaa agggggatgt gctgcaaggc 9060
gattaagttt ggttaacgcca gggtttccc agtcacgacg ttgtaaaacg acggccagtg 9120
aattaattcc catctgaaa gaaatatagt ttaaatattt attgataaaa taacaagtca 9180
ggtattatag tccaaagcaaa aacataaatt tattgatgca agttaaatt cagaaatattt 9240
tcaataactg attatatcag ctggtacatt gccgttagatg aaagactgag tgcgatatta 9300
tgtgtataac ataaatttgc gatatacgta gcttagctca tcgggggatc cgtcgaagct 9360

agcttgggtc ccgctcagaa gaactcgta agaaggcgat agaaggcgat gcgctgcgaa 9420
tcgggagcgg cgataccgta aagcacgagg aagcggtcag cccattcgcc gccaaagctct 9480
tcagcaatat cacgggttagc caacgctatg tcctgatagc ggtccgccac acccagccgg 9540
ccacagtcga tgaatccaga aaagcggcca ttttccacca tgatattcgg caagcaggca 9600
tcgccatggg tcacgacgag atcctcgccg tcgggcatgc ggcgcctttag cctggcgaac 9660
agttcggctg gcgcgagccc ctgatgctct tcgtccagat catcctgatc gacaagaccg 9720
gcttccatcc gagtacgtgc tcgctcgatg cgatgttcg cttggtggtc gaatggcag 9780
gtagccggat caagcgtatg cagccgccgc attgcatcag ccatgatgga tactttctcg 9840
gcaggagcaa ggtgagatga caggagatcc tgccccggca cttcgcccaa tagcagccag 9900
tcccttcccg cttcagtgac aacgtcgagc acagctgcgc aaggaacgcc cgtcgtggcc 9960
agccacgata gccgcgctgc ctcgtcctgc agttcattca gggcacccgga caggtcggtc 10020
ttgacaaaaaa gaaccggcgc cccctgcgct gacagccgga acacggcggc atcagagcag 10080
ccgattgtct gttgtgccc atcatagccg aatagcctct ccacccaagc ggccggagaa 10140
cctgcgtgca atccatcttg ttcaatccaa gctccatgg gccctcgact agagtcgaga 10200
tctggattga gagtgaatat gagactctaa ttggataccg agggaaattt atgaaacgtc 10260
agtggagcat tttgacaag aaatatttgc tagctgatag tgaccttagg cgactttga 10320
acgcgcaata atggtttctg acgtatgtgc ttagctcatt aaactccaga aacccgcggc 10380
tgagtggctc cttcaacgtt gcggttctgt cagttccaaa cgtaaaacgg cttgtcccgc 10440
gtcatcgccg ggggtcataa cgtgactccc ttaattctcc gctcatgatc ttgatcccct 10500
gcgcacatcag atccttggcg gcaagaaagc catccagttt actttgcagg gcttcccaac 10560

cttaccagag ggcaccccaag ctggacaattc cggatccactt gctgtccata aaacccgcccc 10620

gtcttagctat ccggcatgtaa gccccactgca agcttacacctg ttttccttttgc cgttttgatt 19680

ttcccttgtc sagatagccc agtagctgac attcatccgg ggtsagcacc gtttctcgaa 10740

actggattttc tacgtgttcc gtttcttttgc gtagcccttg cacccttgagt gcttgccgca 10800

ggcttggatc ttgtatggctg caggtaaaccg ggacacccggc ctccctcgagc aaatttacac 10860

atggccacta aacgtctaaa cccttgtaat ttgtttttat tttactatgt gtgttatgtt 10920

tttgatttac gataaaatTTT tatATTTqgt actaaaatTTA taacacacTTT tatqctaACq 10980

tttgccaaca ctttagcaatt tgcaagttga ttaattgttatt ctaaattattttttttctt 11040

aaatacataat actaatcaac tggaaatgtt aatatttgc t aatattttcta ctataggaga 11100

ggatggcata tacacccaaac attcaataat tcttgaggat aataatggta ccacacaaaga 11220

tttgacgttc atgaaacctca cctggacaaaa aggttttagta atttttcaag acaacaatgt 11280

tcggcgcacat aacttttgaa atggcatgtat ggatggccctg tggaaaatgttt aaaaaataat 11340

tggaaaatgtat ttggcatggaa ccctatgtgtta aaaccatgac atccacttgg aggatgtcaat 11400

aatgaagaaa actacaaatt tagatggaaat tagtttatgaa tggtagtstat ataatggaga 11460

1 5 10

1 5 10

ttg gat ggg aag gtc tcg cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt 11620
Leu Asp Gly Lys Val Ser Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe

190

ggg gtg gag ttg acg gat acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt 11668
Gly Val Glu Leu Thr Asp Thr Pro Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val

30

35

40

gac agt ccc aca ccc atc gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att 11716
Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile
45 50 55

gtc att gga ggg ctt ttg tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc 11764
Val Ile Gly Gly Leu Leu Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg
60 65 70

gcc tcg gag cca ttt ttg ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg 11812
Ala Ser Glu Pro Phe Leu Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu
75 80 85 90

tcc tgt ttt gcg ctc agt ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag 11860
Phe Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln
95 100 105

gct att acc tgg cgg tac tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa 11908
Ala Ile Thr Trp Arg Tyr Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys
110 115 120

cat aaa gag atg gcg att ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac 11956
His Lys Glu Met Ala Ile Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr
125 130 135

gtg gaa ttc atg gat acc gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg 12004
Val Glu Phe Met Asp Thr Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg
140 145 150

caa ata agc ttc ctc cac gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att 12052
Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile
155 160 165 170

tgg tgg gct att gct cat cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct 12100
Trp Trp Ala Ile Ala His His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser
175 180 185

191

gcg gct ctg aac tca gga gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc 12148
Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe
190 195 200

ttg gct gcc tgc ctt cga agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt 12196
Leu Ala Ala Cys Leu Arg Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu
205 210 215

ttt tgg ggc agg tac ttg aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg 12244
Phe Trp Gly Arg Tyr Leu Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu
220 225 230

aac tta gtg cag gct tac tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca 12292
Asn Leu Val Gln Ala Tyr Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro
235 240 245 250

caa tgg ctg atc aag att ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt 12340
Gln Trp Leu Ile Lys Ile Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe
255 260 265

ctt ttc ggc aat ttt tac gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga 12388
Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly
270 275 280

aag caa aag gga gct aaa act gag tga tctagaaggc ctcctgcttt 12435
Lys Gln Lys Gly Ala Lys Thr Glu
285 290

aatgagatat gcgagacgcc tatgatcgca tgatattgc tttcaattct gttgtgcacg 12495

ttgtaaaaaaaaa cctgagcatg tgttagctcag atccttaccg ccggtttcgg ttcattctaa 12555

tgaatatatc acccgttact atcgtatccc tatgaataat attctccgtt caatttactg 12615

attgtccgtc gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaaacccttg taatttgttt 12675

ttgttttact atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaaa ttttatatt tggtaactaaa 12735

tttataaacac ctttatgct aacgttgcc aacacttagc aatttgcaag ttgattaatt 12795

gattctaaat tattttgtc ttctaaatac atataactaat caactggaaa tgtaaatatt 12855
tgctaatatt tctactatag gagaattaaa gtgagtgaat atggtaccac aaggtttgg 12915
gatttaattt ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga 12975
ggataataat ggtaccacac aagatttgag gtgcattgaac gtcacgtgga caaaaggttt 13035
agtaattttt caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc 13095
cctgtggaaa gttaaaaat atttggaaa tgatttgc ggaagccatg tgtaaaacca 13155
tgacatccac ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta 13215
tgcatgttgt ctatataatg aggattttgc aatacttca ttcatacaca ctcactaagt 13275
tttacacgt tataatttct tcatagccag cggtatcc atg gta ttc gcg ggc ggt 13330
Met Val Phe Ala Gly Gly
295
gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac atc gac gtc gag cac att 13378
Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn Ile Asp Val Glu His Ile
300 305 310
gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc agt tat gtg tct tca act 13426
Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe Ser Tyr Val Ser Ser Thr
315 320 325
gtt ggt tcg tgg agc gta cac agt ata caa cct ttg aag cgc ctg acg 13474
Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln Pro Leu Lys Arg Leu Thr
330 335 340 345
agt aag aag cgt gtt tcg gaa agc gct gcc gtg caa tgt ata tca gct 13522
Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala Val Gln Cys Ile Ser Ala
350 355 360
gaa gtt cag aga aat tcg agt acc cag gga act gcg gag gca ctc gca 13570
Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly Thr Ala Glu Ala Leu Ala
365 370 375

193

gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg tca tct cag tgg aag aag 13618
Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg Ser Ser Gln Trp Lys Lys
380 385 390

tcg aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta cac aac aag cca agc gat 13666
Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val His Asn Lys Pro Ser Asp
395 400 405

tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat gat gtt tcc aat ttt gcg 13714
Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Phe Ala
410 415 420 425

gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt act tat ttt gga cga gac 13762
Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp
430 435 440

ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca gct tct aca tgg aaa att 13810
Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala Ala Ser Thr Trp Lys Ile
445 450 455

ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag agg gtg gag ccg act cca 13858
Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu Arg Val Glu Pro Thr Pro
460 465 470

gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga gct ctt ttc ctg agg gag 13906
Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg Ala Leu Phe Leu Arg Glu
475 480 485

caa ctt ttc aaa agt tcg aaa ttg tac tat gtt atg aag ctg ctc acg 13954
Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr Val Met Lys Leu Leu Thr
490 495 500 505

aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca ata ata tgt tgg agc aag 14002
Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala Ile Ile Cys Trp Ser Lys
510 515 520

act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt atg atg gct ctg tgt ttc 14050
Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys Met Met Ala Leu Cys Phe
525 530 535

caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt ctc cac aat cag gtg ttt 14098
Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Phe
540 545 550

gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg tat gtg atc ggc aac gcc 14146
Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly Tyr Val Ile Gly Asn Ala
555 560 565

gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag gag aag cat aac ctt cat 14194
Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys Glu Lys His Asn Leu His
570 575 580 585

cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act tac caa cca att gat gaa 14242
His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr Tyr Gln Pro Ile Asp Glu
590 595 600

gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg agc aag gac ata ctg gcc 14290
Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp Ser Lys Asp Ile Leu Ala
605 610 615

aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc ctc caa tac cag cat ctg 14338
Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile Leu Gln Tyr Gln His Leu
620 625 630

tcc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt ggt agt tgg ctc ttt tgg 14386
Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg Gly Ser Trp Leu Phe Trp
635 640 645

agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc tca cct gtc gac agg ttg 14434
Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Asp Arg Leu
650 655 660 665

ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac ttt tgg ttc gtc ggg aca 14482
Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr Phe Trp Phe Val Gly Thr
670 675 680

gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca tta gta tgg atg gcg gtg 14530
Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Leu Val Trp Met Ala Val
685 690 695

195

act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc ttt gta ttt gta ctt agc 14578
Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly Phe Val Phe Val Leu Ser
700 705 710

cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct aaa gaa ttc gtg agt gca 14626
His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser Lys Glu Phe Val Ser Ala
715 720 725

cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga aac ata ttc aac gac tgg 14674
Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly Asn Ile Phe Asn Asp Trp
730 735 740 745

ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag cat cat ctt ttc cca aca 14722
Phe Thr Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
750 755 760

atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca cct aga gtg gag gtg ttc 14770
Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala Pro Arg Val Glu Val Phe
765 770 775

tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac gta tct att gct acc ggc 14818
Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Ile Ala Thr Gly
780 785 790

act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa gtc gcg gag gct gcg gca 14866
Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu Val Ala Glu Ala Ala Ala
795 800 805

gag cag cat gct acc acc agt taa gctagcgta accctgcttt aatgagatat 14920
Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
810 815

gcgagacgcc tatgatcgca tgatattgc tttcaattct gttgtgcacg ttgtaaaaaa 14980

cctgagcatg tgttagctcag atccttaccg ccgggttcgg ttcattctaa tgaatatatac 15040

acccgttact atcgatattt tatgaataat attctccgtt caatttactg attgtccgtc 15100

gagcaaattt acacattgcc actaaacgtc taaaacccttg taatttgttt ttgtttact 15160

atgtgtgtta tgtatttgat ttgcgataaaa ttttatatt tggactaaa ttataaacac 15220
cttttatgct aacgtttgcc aacacttagc aatttgcaga ttgattaatt gattctaaat 15280
tattttgtc ttctaaatac atatactaatac caactggaaa tgtaaatatt tgctaataatt 15340
tctactatacg gagaattaaa gtgagtgaaat atggtaaccac aaggtttggaa gatttaattt 15400
ttgcaatgct gcatggatgg catatacacc aaacattcaa taattcttga ggataataat 15460
ggtaccacac aagatttgag gtgcattgaaac gtcacgtggaa caaaaggttt agtaattttt 15520
caagacaaca atgttaccac acacaagttt tgaggtgcat gcatggatgc cctgtggaaa 15580
gtttaaaaat atttggaaa tgatttgcattt ggaagccatg tgtaaaacca tgacatccac 15640
ttggaggatg caataatgaa gaaaactaca aatttacatg caactagtta tgcatgtagt 15700
ctatataatg aggatttgc aatacttca ttcatacaca ctcactaagt tttacacgat 15760
tataatttct tcatagccag cagatctaaa atg gct ccg gat gcg gat aag ctt 15814
Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu
820 825
cga caa cgc cag acg act gcg gta gcg aag cac aat gct gct acc ata 15862
Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile
830 835 840
tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa 15910
Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu
845 850 855
gtc tgc atc gac gga atc atc tat gac ctc caa tca ttc gat cat ccc 15958
Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro
860 865 870
ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt ggt ggc aac gat gtc act gta cag 16006
Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln
875 880 885

tac aag atg att cac ccg tac cat acc gag aag cat ttg gaa aag atg 16054
 Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met
 890 895 900 905

aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat 16102
 Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp
 910 915 920

acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa cga gaa gtc ttc aag att gtg cga 16150
 Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg
 925 930 935

cga ggc aag gat ttc ggt act ttg gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc 16198
 Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys
 940 945 950

tac att gcc att ttc ttc tac ctg cag tac cat tgg gtc acc acg gga 16246
 Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly
 955 960 965

acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc tac gga atc tcc caa gcg atg att 16294
 Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile
 970 975 980 985

ggc atg aat gtc cag cac gat gcc aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt 16342
 Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg
 990 995 1000

ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt 16390
 Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly
 1005 1010 1015

tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa cac tgg acc cac cac gct tac acc 16438
 Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr
 1020 1025 1030

aat cac gcc gag atg gat ccc gat agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc 16486
 Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu
 1035 1040 1045

ctt ttc aac gac tat ccc ttg gat cat ccc gct cgt acc tgg cta cat 16534
Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His
1050 1055 1060 1065

cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg 16582
Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu
1070 1075 1080

tcc gct gtc ttc aat cca caa att ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca 16630
Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala
1085 1090 1095

ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac aac gct ttc att cac tcg cga cgc 16678
Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg
1100 1105 1110

aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct gtg tac att gcg gtg aac gtg att 16726
Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile
1115 1120 1125

gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt 16774
Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe
1130 1135 1140 1145

gga aac atc atg ctc atg ggt gtg gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc 16822
Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val
1150 1155 1160

ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc 16870
Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr
1165 1170 1175

gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa cca gtc gac tgg ttc aag aca cag 16918
Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln
1180 1185 1190

gtc gaa act tcc tgc act tac ggt gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg 16966
Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr
1195 1200 1205

199

gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa cac cac ttg ttc cca cgc atg agc 17014
Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser
1210 1215 1220 1225

agc gct tgg tat ccc tac att gcc ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc 17062
Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala
1230 1235 1240

aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac tac ccg tgg atc cac caa aac ttt 17110
Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe
1245 1250 1255

ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg 17158
Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp
1260 1265 1270

cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc ttg acc gga cg^g gcg taa 17200
Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro Leu Thr Gly Arg Ala
1275 1280 1285

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgctttaa tgagatatgc gagacgccta 17260

tgatcgcatg atatggctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaacc tgagcatgtg 17320

tagctcagat cttaccgcc ggttcgggtt cattctaattt aatatacac ccgttactat 17380

cgtatTTTA tgaataaatat tctccgttca atttactgtat tgtccgtcga cgagctcggc 17440

gcgcctctag aggatcgatg aattcagatc ggctgagtgg ctcccaac gttgcgggttc 17500

tgtcagttcc aaacgtaaaa cggcttgccc cgcgtcatcg gcgggggtca taacgtgact 17560

cccttaatttcc tccgctcatg atcagattgt cgTTTCCGC cttcagttta aactatcagt 17620

gtttgacagg atatattggc gggtaaacct aagagaaaaag agcgtttatt agaataatcg 17680

gatatttaaa agggcgtgaa aaggtttatac ctgcgtccat ttgtatgtgc atgccaacca 17740

cagggttccc ca 17752

<210> 47

<211> 290

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 47

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15

Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30

Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45

Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
65 70 75 80

Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
85 90 95

Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
100 105 110

Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
115 120 125

Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
130 135 140

Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
145 150 155 160

Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
165 170 175

201

His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
180 185 190

Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
195 200 205

Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
210 215 220

Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
225 230 235 240

Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
245 250 255

Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 48

<211> 525

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 48

Met Val Phe Ala Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
35 40 45

202

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly

203

260

265

270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
485 490 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
515 520 525

<210> 49

<211> 469

<212> PRT

<213> Unknown

<400> 49

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
1 5 10 . 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
100 105 . 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
325 330 335

206

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
355 360 365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala
465

<210> 50
<211> 26
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Polylinker

<400> 50
gaattcggcg cgccgagctc ctcgag

<210> 51

<211> 265

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 51

ccaccgcgg gggcgccgc ctgcagtcta gaaggcctcc tgcttaatg agatatgcga 60

gacgcctatg atcgcatgat atttgcttc aattctgttg tgcacgttgt aaaaaacctg 120

agcatgtgta gctcagatcc ttacgcggg ttccggttca ttctaatgaa tatatcaccc 180

gttactatcg tattttatg aataatattc tccgttcaat ttactgattg tccgtcgacg 240

aattcggact cggcgccca agctt

265

<210> 52

<211> 257

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker

<400> 52

ggatccgata tcgggcccgc tagcgtaac cctgcttaa tgagatatgc gagacgccta 60

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ctttaccgccc ggtttcgggtt cattctaatg aatataatcac ccgttactat 180

cgtatttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240

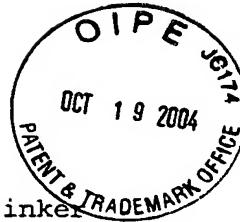
ctcggcgccgc caagctt

257

<210> 53
<211> 257
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Polylinker-Terminator-Polylinker



<400> 53

agatctgccg gcatcgatcc cgggccatgg cctgcttaa tgagatatgc gagacgccta 60

tgatcgcatg atatttgctt tcaattctgt tgtgcacgtt gtaaaaaacc tgagcatgtg 120

tagctcagat ctttaccgcc ggtttcggtt cattctaattg aatataatcac ccgttactat 180

cgtatttta tgaataatat tctccgttca atttactgat tgtccgtcga cgaattcgag 240

ctcggcgccgc caagctt

257